



T.C.
NECMETTİN ERBAKAN NİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



**ŞEFTALİ (*Prunus persica* L.)
TRANSKRİPSİYON FAKTÖRÜ GENLERİNİN
KARAKTERİZASYONU, GEN-
SPESİFİK MARKÖR DİZAYNI VE TÜRLER
ARASI TRANSFER ANALİZLERİ**

Cansu YÜRÜKÇÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Biyoteknoloji Anabilim Dalı

**Haziran-2022
KONYA
Her Hakkı Saklıdır**

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezdeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edildiğini ve tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

DECLARATION PAGE

I hereby declare that all information in this document has been obtained and presented in accordance with academic rules and ethical conduct. I also declare that, as required by these rules and conduct, I have fully cited and referenced all material and results that are not original to this work.

Cansu YÜRÜKÇÜ

Tarih:

ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ŞEFTALİ (*Prunus persica* L.) TRANSKRİPSİYON FAKTÖRÜ GENLERİNİN KARAKTERİZASYONU, GEN-SPEŞİFİK MARKÖR DİZAYNI VE TÜRLER ARASI TRANSFER ANALİZLERİ

Cansu YÜRÜKÇÜ

Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Ayşe Özgür UNCU

2022, 124 Sayfa

Jüri

Doç. Dr. Ayşe Özgür UNCU
Dr. Öğr. Üyesi Fatih ERCİ
Doç. Dr. Musa SEYMEN

Şeftali (*Prunus persica* L.), diğer meyve ağacı türlerine kıyasla kısa gençlik dönemi (2-3 yıl), kendine tozlaşma ve nispeten küçük genom boyutuna sahip olma ($2n = 2x = 16$; $1C = 265$ Mb)) dahil genetik özellikleri nedeniyle Rosaceae ailesi için model organizmadır (Abbott ve ark. 2002). Bu çalışma kapsamında şeftali cDNA sekans koleksiyonu, çok iyi tanımlanmış Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana* L.) ve pirinç (*Oryza sativa* L.) transkripsiyon faktörü sekansları üzerinden biyoinformatik analizler ile homolojiye dayalı transkripsiyon faktörü tahmini yapılmıştır. Tespit edilen transkripsiyon faktörleri aileye göre sınıflandırılıp sekans-temelli markör geliştirilme çalışmalarında kullanılmıştır. Çalışma kapsamında geliştirilen markörlerin yakın akraba ve önemli bir *Prunus* türü olan badem (*Prunus dulcis* Mill.) genomunda haritalanması sonucunda transfer edilebilir markörler belirlenmiş ve türler arasındaki polimorfizmler tespit edilmiştir. PCR analizleri, biyoinformatik markör geliştirme protokolünün doğrulanmasında kullanılmıştır. Markör lokuslarca kodlanan peptid dizilerinin homolojiye dayalı metodoloji ile üç boyutlu (3D) protein modelleri oluşturulmuştur. Protein modellemesi, biyoinformatik markör geliştirme iş akışını doğrulamış ve ayrıca markör lokusların kodladığı transkripsiyon faktörleri yapılarındaki potansiyel farklılıkları göstermede faydalı olmuştur. Çalışma kapsamında geliştirilen markörler gen ekspresyonu kontrolünde birincil role sahip transkripsiyon faktörü kodlayan genlerde yer aldıklarından, *Prunus* fonksiyonel genomu için yüksek bilgi içeriğine sahip olması beklenen genomik araçlar oluşturmaktadır.

Anahtar Kelimeler: cDNA, markör geliştirme, protein modelleme, transkripsiyon faktörü.

ABSTRACT

MS THESIS

CHARACTERIZATION OF PEACH (*Prunus persica* L.) TRANSCRIPTION FACTOR GENES, GENE-SPECIFIC MARKER DESIGN AND INTERSPECIFIC TRANSFERABILITY ANALYSES

Cansu YÜRÜKÇÜ

THE GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE OF
NECMETTİN ERBAKAN UNIVERSITY
THE DEGREE OF MASTER OF SCIENCE
IN BIOTECHNOLOGY

Advisor: Assoc. Prof. Dr. Ayşe Özgür UNCU

2022, 124 Pages

Jury

Assoc. Prof. Dr. Ayşe Özgür UNCU

Asst. Prof. Dr. Fatih ERCİ

Assoc. Prof. Dr. Musa SEYMEN

Peach (*Prunus persica* L.) is a model organism for the Rosaceae family due to its genetic characteristics, including a short juvenile period (2-3 years), self-pollination, and relatively small genome size ($(2n = 2x = 16)$; $1C = 265$ Mb) compared to other fruit tree species (Abbott et al. 2002). In the present work, bioinformatic analyses were performed for homology-based transcription factor prediction in peach cDNA collection using well-defined *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana* L.) and rice (*Oryza sativa* L.) transcription factor sequences. Family classifications of the identified transcription factors were performed and transcription factor sequences were used for sequence-based marker development. Cross-species mapping of the markers in the closely related and important *Prunus* species, almond (*Prunus dulcis* Mill.), identified transferable markers and potential interspecific marker polymorphisms. PCR analyses were useful for verifying the accuracy of the bioinformatic marker development strategy. Three-dimensional (3D) homology-based protein models of the marker loci were also created. Protein modelling verified the bioinformatic marker development approach and was useful in displaying potential variations in transcription factor structures. The set of markers introduced in the present research represent transcription factor coding sequences which play pivotal roles in gene expression regulation, therefore, are expected to constitute highly informative genomic tools for *Prunus* functional genomic studies.

Keywords: cDNA, marker development, protein modelling, transcription factor.

ÖNSÖZ

Lisans ve yüksek lisans eğitimim boyunca her çalışmada beni destekleyen ve yaşadığım zorluklar karşısında daima yol gösteren saygıdeğer danışman hocam Doç Dr. Ayşe Özgür UNCU'ya ve değerli zamanını esirgemedi her fırsatta yardımcı olan değerli hocam Doç. Dr. Ali Tefik UNCU'ya teşekkürü bir borç bilirim.

Tüm bu zorlu tez sürecinde tecrübelerini paylaşan ve yardımcı olan Fatıma ŞEN'e ve çalışmam boyunca benden bir an olsun desteklerini esirgemeyen arkadaşlarım Şerife Nur TOSUN ve Dilay MALYEMEZ'e teşekkür ederim.

Son olarak tüm hayatım boyunca yanımda olan, aldığım kararları daima destekleyen ve beni cesaretlendiren sevgili aileme sonsuz teşekkür ederim.

Cansu YÜRÜKÇÜ
KONYA-2022

İÇİNDEKİLER

ÖZET	iv
ABSTRACT.....	v
ÖNSÖZ	vi
İÇİNDEKİLER	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ŞEKİL DİZİNİ	x
TABLO DİZİNİ.....	xiii
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI	3
2.1. Şeftali (<i>Prunus persica</i> L. Batsch)	3
2.1.1. Şeftalinin Tarihi ve Üretimi.....	3
2.1.2. Şeftalinin Genetik Özellikleri ve Islah Çalışmaları	5
2.3. Moleküler Markörler.....	7
2.3.1. Hibridizasyon Temelli Markörler	8
2.3.2. Sekans Temelli Markörler	8
2.3.3. PCR Temelli Markörler.....	9
2.4. Mikrosatellitlerin Genler İçindeki Dağılımı Ve Etkileri.....	11
2.5. Mikrosatellitlerin Geliştirilmesi	13
2.5.1. Türler Arası Aktarılabirlik Yoluyla Mikrosatellit Geliştirme	14
2.6. Markör Destekli Seçim(MAS)	14
2.7. Transkripsiyon Faktörleri.....	15
2.8. Bitki Transkripsiyon Faktörü Aileleri.....	15
2.8.1. Temel Bölge Lösün Fermuar (bZIP) Proteinleri	16
2.8.2. Temel Bölge Sarmal Döngü Sarmal (Helix-Loop-Helix)(bHLH) Proteinleri	16
2.8.3. MYB Proteinleri	16
2.8.4. MADS Box Ailesi.....	17
2.8.5. B3 Ailesi.....	17
2.8.6. AP2/ERFDP Domaini	18
2.8.7. WRKY.....	18
2.8.8. AREB/ABF.....	19
2.8.9. NAC	19
2.8.10. NIN-like Protein.....	19
2.9. Şeftali Transkripsiyon Faktörü Aileleri	20
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	22

3.1. DNA İzolasyonu	22
3.2. DNA Örneklerinin PCR İle Çoğaltılması	22
3.3. Şeftali (<i>Prunus persica</i> L.) Genomunda Transkripsiyon Faktörü Kodlayan Genlerin Tanımlanması ve Karakterizasyonu	23
3.4. Transkripsiyon Faktörü Genlerinde Mikrosatellit Lokuslarının Tanımlanması ve PCR-Temelli Markörlere Dönüştürülmesi.....	24
3.4.1. Mikrosatellit Lokuslarının Tanımlanması	24
3.4.2. Markör Dizayını.....	24
3.5. Intraspesifik (Tür İçi) ve Interspesifik (Türler Arası) Markör Haritalaması, Polimorfik Fonksiyonel Markörlerin Protein Anotasyonu ve 3D Modellemeleri	25
3.5.1. Tür İçi Markör Haritalaması.....	25
3.5.2. Türler Arası Markör Haritalaması	25
3.5.3. Polimorfik Fonksiyonel Markörlerin 3D Protein Modellemeleri	26
4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA	27
4.1. Şeftali (<i>Prunus persica</i>) Bitkisinde Transkripsiyon Faktörü Kodlayan Genlerin Tanımlanması ve Karakterizasyonu	27
4.2. Transkripsiyon Faktörü Genlerinde Mikrosatellit Lokuslarının Tanımlanması Ve PCR-Temelli Markörlere Dönüştürülmesi.....	31
4.2.1. Mikrosatellit Lokuslarının Tanımlanması	31
4.2.2. Markör Dizayını.....	33
4.3. Tür İçi ve Türler Arası Markör Haritalaması, Polimorfik Fonksiyonel Markörlerin Protein Anotasyonu ve 3D Modellemeleri	56
4.3.1. Tür İçi Markör Haritalama	56
4.3.2. Türler Arası Markör Haritalama	58
4.3.3. Markör Dizayını ve Haritalama Süreçlerinin Deneysel Doğrulaması	59
4.3.4. Polimorfik Fonksiyonel Markörlerin 3D Protein Modellemeleri.....	61
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	77
5.1 Sonuçlar	77
5.2 Öneriler	78
6. KAYNAKLAR.....	79
EKLER	97
ÖZGEÇMİŞ.....	Error! Bookmark not defined.

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

μ: mikro

° C: santigrad derece

Kısaltmalar

AFLP: Çoğaltılmış Fragman Uzunluk Polimorfizmi
AREB: Absisik Aside Duyarlı Element Bağlayıcı Protein
ATP: Adenozintrifosfat
bHLH: Temel Sarmal Halka Sarmal
BLAST: Basic Local Sequence Alignment Tool
CE: Kapiler Elektroforez
DNA: Deoksiribo Nükleik Asit
EmPCR Emülsiyon Polimeraz Zincir Reaksiyonu
EREBD: Etilen Duyarlı Eleman Bağlama Faktörü
ERF: Etilen Duyarlı Factor
EST: İfadelenmiş Sekans Etiketleri (Expressed Sequence Tag)
FASTA: Fast-All
GMATA: Genome-wide Microsatellite Analyzing Tool Package
GWAS: Tüm Genom İlişkilendirme ile Islah
MAS: Markör Destekli Islah
Mb: Megabaz
mL: mililitre
mM: milimolar
mRNA: Messenger RNA
NCBI: National Center for Biotechnology Information
ng: nanogram
NGS: Yeni Nesil Sekanslama
NIR: Nitrit Redüktaz
NR: Nitrat Redüktaz
nt: nükleotit
PAG: Poliakrilamid Jel
PCR: Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)
PlantTFDB: Plant Transcription Factor Database
RAPD: Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
RFLP: Restriksiyon Fragman Uzunluk Polimorfizmi
RNA: Ribonükleik Asit
SCAR: Sequence Characterized Amplified Region
SNP: Tek Nükleotit Polimorfizmi
SSR: Basit Tekrar Dizileri (Simple Sequence Repeats)
TF: Transkripsiyon Faktörü
UTR: Translate Edilmemiş Bölge (Untranslated Region)
WGS: Tüm Genom Sekanslama

ŞEKİL DİZİNİ

Grafik 1. Tablo 6’da gösterilen SSR motiflerinin grafik üzerinde dağılımı. DİĞER: Görülme sıklığı %1’den düşük değerlerin toplamı.	32
Şekil 1. Transkripsiyon faktörü aileleri ve cDNA sayıları.	30
Şekil 2. Her bir markör için, a. <i>P.dulcis</i> , b. <i>P.persica</i> genomlarından çoğaltılan markör fragmanlarına ait elektroferogram görüntüleri.	60
Şekil 3. Kromozom 1 üzerinde haritalanan >MK1025 ve >MK229 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1025 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK229 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	66
Şekil 4. e. >MK1025 üç boyutlu modelleme, f. >MK229 üç boyutlu modelleme.	66
Şekil 5. Kromozom 2 üzerinde haritalanan >MK705 ve >MK707 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK705 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK707 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	67
Şekil 6. e. >MK705 üç boyutlu modelleme, f. >MK707 üç boyutlu modelleme.	67
Şekil 7. Kromozom 3 üzerinde haritalanan >MK1034 ve >MK1150 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1034 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK1150 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	68
Şekil 8. e. >MK1034 üç boyutlu modelleme, f. >MK1150 üç boyutlu modelleme.	68
Şekil 9. Kromozom 4 üzerinde haritalanan >MK1351 ve >MK1360 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1034 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK1150 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	69
Şekil 10. e. >MK1351 üç boyutlu modelleme, f. >MK1360 üç boyutlu modelleme.	69
Şekil 11. Kromozom 5 üzerinde haritalanan >MK431 ve >MK443 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK431 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK443 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	70
Şekil 12. e. >MK431 üç boyutlu modelleme, f. >MK443 üç boyutlu modelleme.	70
Şekil 13. Kromozom 6 üzerinde haritalanan >MK934 ve >MK980 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK934 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK980 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	71
Şekil 14. e. >MK934 üç boyutlu modelleme, f. >MK980 üç boyutlu modelleme.	71
Şekil 15. Kromozom 7 üzerinde haritalanan >MK1284 ve >MK1321 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1284 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK1321 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	72
Şekil 16. e. >MK1284 üç boyutlu modelleme, f. >MK1321 üç boyutlu modelleme.	72
Şekil 17. Kromozom 8 üzerinde haritalanan >MK101 ve >MK108 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK101 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK108 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	73
Şekil 18. e. >MK101 üç boyutlu modelleme, f. >MK108 üç boyutlu modelleme.	74
Şekil 19. Kromozom 3 üzerinde haritalanan >MK1110 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları. Modifikasyon öncesi için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon	

hizalaması. Modifikasyon sonrası için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	76
Şekil 20. >MK1110 için e. modifikasyon öncesi üç boyutlu modelleme, f. Modifikasyon sonrası üç boyutlu modelleme.	76
Şekil 21. Kromozom 1 üzerinde haritalanan >MK145 ve >MK212 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK145 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK212 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	97
Şekil 22. e. >MK145 için üç boyutlu modelleme, f. >MK212 için üç boyutlu modelleme	97
Şekil 23. Kromozom 1 üzerinde haritalanan >MK249 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.....	98
Şekil 24. Kromozom 2 üzerinde haritalanan >MK674 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.....	99
Şekil 25. Kromozom 2 üzerinde haritalanan >MK789 ve >MK739 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK789 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK739 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	100
Şekil 26. e. >MK789 için üç boyutlu modelleme, f. >MK739 için üç boyutlu modelleme.....	100
Şekil 27. Kromozom 3 üzerinde haritalanan >MK102 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.....	101
Şekil 28. Kromozom 3 üzerinde haritalanan >MK1144 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.....	102
Şekil 29. Kromozom 5 üzerinde haritalanan >MK503 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.....	103
Şekil 30. Kromozom 5 üzerinde haritalanan >MK552 ve >MK584 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK552 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK584 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	104
Şekil 31. e. >MK552 için üç boyutlu modelleme, f. >MK584 için üç boyutlu modelleme.....	104
Şekil 32. Kromozom 6 üzerinde haritalanan >MK938 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.....	105
Şekil 33. Kromozom 6 üzerinde haritalanan >MK971 ve >MK999 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK971 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK999 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	106
Şekil 34. e. >MK971 için üç boyutlu modelleme, f. >MK999 için üç boyutlu modelleme.....	106
Şekil 35. Kromozom 7 üzerinde haritalanan >MK1259 ve >MK1290 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1259 için a. modellemeye ait veriler, b. model- şablon hizalaması. >MK1290 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	107
Şekil 36. e. >MK1259 için üç boyutlu modelleme, f. >MK1290 için üç boyutlu modelleme.....	107
Şekil 37. Kromozom 7 üzerinde haritalanan >MK1318 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.....	108
Şekil 38. Kromozom 8 üzerinde haritalanan >MK116 ve >MK122 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK116 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK122 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.	109
Şekil 39. e. >MK116 için üç boyutlu modelleme, f. >MK122 için üç boyutlu modelleme.....	109

Şekil 40. Kromozom 8 üzerinde haritalanan >MK67 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.....	110
--	-----

TABLO DİZİNİ

Tablo 1. Homoloji analizinde kullanılan veritabanı sekans sayıları.....	27
Tablo 2. <i>Prunus persica</i> ile yapılan BLASTx analizi sonuçlarına göre cDNA ve tahmin edilen transkripsiyon faktörleri istatistikleri.	27
Tablo 3. “E- değeri”ne göre sıralanmış <i>O. sativa</i> ve <i>P. persica</i> BLASTx analizi ilk on eşleşmeye ait istatistikler.	28
Tablo 4. “E-değeri”ne göre sıralanmış <i>A.thaliana</i> ve <i>P. persica</i> BLASTx analizi ilk on eşleşmeye ait istatistikler.	28
Tablo 5. Transkripsiyon faktör aileleri ve eşleşen <i>P. persica</i> cDNA sayıları.....	29
Tablo 6. SSR motiflerinin tekrar sayıları ve yüzdeleri.	31
Tablo 7. Gruplanmış SSR motifleri, bulunma sayıları ve yüzdeleri.	32
Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları.....	34
Tablo 9. e-PCR sonunda gözlemlenen markör alel sayıları.	56
Tablo 10. e-PCR sonuçlarına göre <i>P.persica</i> kromozom numaraları, alel ve markör sayıları.	56
Tablo 11. <i>Prunus persica</i> kromozom 1’deki on adet marköre ait haritalama bilgileri...57	57
Tablo 12. e-PCR sonuçlarına göre <i>P.dulcis</i> kromozom numaraları, alel ve markör sayıları.	58
Tablo 13. <i>Prunus dulcis</i> kromozom 1’deki on marköre ait haritalama bilgileri.	59
Tablo 14. Seçilen markörler, <i>P.dulcis</i> ve <i>P. persica</i> için alelleri ve cDNA’ları.	61
Tablo 15. Seçilen markörler, buldukları kromozom, template’leri ve template tanımları.	62
Tablo 16. Modifikasyon sonrası markörlerin modelleme değerlerindeki değişimler. ...	75

1. GİRİŞ

Ilıman bölge meyvesi (Scorza ve Sherman, 1996) olan şeftali (*Prunus persica* L.) içerdiği vitaminler (A, C ve E), karotenoidler ve fenolik bileşikler gibi antioksidan ve antikarsinojenik özelliğe sahip besin elementleri nedeniyle yüksek besin değerine sahiptir (Durst ve Weaver, 2013). Türkiye’de şeftali üretiminin başta Çanakkale ve Bursa olmak üzere en fazla Marmara bölgesinde gerçekleştirildiği görülmektedir.

Şeftali, diğer meyve ağacı türlerinin çoğuna kıyasla nispeten kısa gençlik dönemi (2-3 yıl), ayrıca kendine tozlaşma ve nispeten küçük genom boyutu (($2n = 2x = 16$); $1C = 265$ Mb)) dahil genetik özellikleri nedeniyle Rosaceae ailesi için model organizmadır (Abbott ve ark. 2002).

Moleküler markörler polimorfizm gösteren ve moleküler bir teknik kullanılarak tespit edilebilen DNA dizisi olarak tanımlanmaktadır (Saraswathy ve Nachimuthu, 2011). Bitki ıslahı ve koruma stratejilerinin kolaylaştırılmasında genetik çeşitliliğin önemi uzun zamandır bilinmektedir (Sehgal ve Raina 2008). Moleküler markörler, genetik varyasyonun tahlil edilmesi için gerekli araçlardır ve fenotipik ile genotipik varyasyonu bağlamak için etkili bir yöntemdir (Varshney ve ark. 2005a). SSR (mikrosatellit) markörleri 1-6 baz çifti uzunluğunda genomun kodlayan ve kodlamayan bölgelerinde bulunan tandem tekrarlardır. Hiperdeğişkenlik, çok alellilik, kodominantlık, tekrarlanabilirlik, geniş genom kapsamı, kromozoma özgü konum ve yüksek verimli genotipleme dahil olmak üzere birçok arzu edilen nitelik nedeniyle bitki genetiği ve ıslahında önem kazanmıştır (Parida ve ark. 2009).

Transkripsiyon faktörleri, genlerin promotör bölgeleri ile etkileşime giren ve bunların ekspresyonunu düzenleyen adaptör moleküllerdir (Sharma ve ark. 2020) ve birçok biyolojik sürecin düzenlenmesinde önemli rol oynarlar. Hem transkripsiyon hem de transkripsiyonun regülasyonu, transkripsiyon faktörlerine bağlıdır. Transkripsiyon faktörleri, belirlenen genlerin ekspresyonunu düzenler. Transkripsiyon faktörlerinin DNA’ya bağlanma, protein-protein etkileşimi veya aktivasyon bölgelerinde oluşan herhangi bir mutasyon sonunda gen ekspresyonu gerçekleşmeyebilir ve beklenen protein sentezlenmeyebilir.

Bu tez çalışmasında şeftali cDNA sekansları kullanılarak, bu türün kodladığı transkripsiyon faktörleri belirlenmiştir. Bu doğrultuda şeftali cDNA koleksiyonunda *Arabidopsis thaliana* ve pirinç (*Oryza sativa*) transkripsiyon faktörü sekansları üzerinden homolojiye dayalı transkripsiyon faktörü tanımlamaları yapılmış ve bulunan

transkripsiyon faktörlerinin aileye göre sınıflandırılıp markör geliştirilmesi amaçlanmıştır. Biyoinformatik iş akışı ile mikrosatelit lokusları tespit edilmiş ve markör amplifikasyonu için PCR primerleri geliştirilmiştir. Markör sekanslarının yakın akraba *Prunus* türü olan badem (*Prunus dulcis*) genomunda haritalanması sonucunda türler-arası transfer edilebilir markörler ve türler arasındaki potansiyel polimorfizmler tespit edilmeye çalışılmıştır. PCR analizleri ile markör geliştirme stratejisi doğrulanmış, protein modelleme analizleri markör lokusların üç boyutlu protein modellerinin geliştirilmesinde kullanılmıştır.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

2.1. Şeftali (*Prunus persica* L. Batsch)

Şeftali, tüketiciler tarafından duyuşal özelliklerinden dolayı takdir edilen popüler yaz meyvelerinden biridir ve mükemmel biyoaktif bileşik kaynağı olarak da bilinmektedir (Tomás-Barberán ve ark. 2001; Gil ve ark. 2002; Cantin ve ark. 2009a). Meyve suyu konsantresi, kuru veya taze olarak ya da reçel, marmelat haline getirilip tüketilmektedir (Birinci ve Er, 2006a). Bu yönüyle şeftali, gıda sanayi için ham madde niteliği taşımaktadır (Engindeniz ve Çukur, 2003).

İçerdiği vitaminler (A, C ve E), karotenoidler ve fenolik bileşikler gibi antioksidan ve antikarsinojenik özelliğe sahip olması nedeniyle yüksek besin değeri sahiptir (Durst ve Weaver, 2013). Meyve ve sebzelerdeki biyoaktif bileşiklerin seviyelerinin hasat öncesi ve sonrası birçok faktörden (genetik arka plan, olgunluk, depolama koşulları, çevresel faktörler vb.) (Lee ve Kader, 2000; Manach ve ark. 2004; Poiroux-Gonord ve ark. 2010) etkilendiği bilinmektedir ve şeftali ile nektarinler üzerinde çok sayıda araştırma yapılmıştır (Tomás-Barberán ve ark. 2001; Gil ve ark. 2002; Cantin ve ark. 2009a; Reig ve ark. 2013; Aubert ve ark. 2014; Liu ve ark. 2015; Zhao ve ark. 2015; Saidani ve ark. 2017). Sarı etli şeftaliler önemli bir β karoten, lutein, zeaksantin ve β -kriptoksantin kaynağıdır (Bassi ve ark. 2016). Mezokarpın kırmızı-mor pigmentasyonu, daha önce insan sağlığına faydalı çok çeşitli biyolojik aktiviteler sergilediği açıklanan fenolik bileşikler olan antosiyaninlerin (Werner ve ark. 1998) birikmesinden kaynaklanmaktadır. Daha yüksek antosiyanin içeriği potansiyel olarak sağlık üzerindeki faydalı etkiyi arttırdığından, meyve kalitesi için önemli bir argümandır (Aubert ve Chalot, 2020).

2.1.1. Şeftalinin Tarihi ve Üretimi

Çin'de ortaya çıkan şeftali, MÖ son yüzyıllarda antik İpek Yolu'yla Pers (bugünkü İran) üzerinden batıya doğru ve 16. yüzyılda Avrupa'dan Amerika'ya dağıldığı düşünülmektedir (Faust ve Timon, 1995).

Şeftali esas olarak ılıman bir bölge meyvesidir ve üretim merkezi 30° K ile 45° G enlemleri arasında (Scorza ve Sherman, 1996) olan ekonomik açıdan en önemli meyve türlerinden biridir.

Şeftali ağacı 20-30 yıla kadar yaşayabilir, ancak ticari meyve bahçelerinde, azalan verimlilik veya çeşit değiştirme nedeniyle ekonomik ömür 12-15 yıl civarındadır. Meyve üretimi ikinci yıldan üçüncü yıla kadar geçen sürede başlar. Ağaç orta büyüklüktedir, yaklaşık 8 m yüksekliğe kadar, örneğin standart, kemerli, sütunlu, kompakt, açık, mahmuzlu, dik ve ağlayan gibi birçok gölgelik yapıya sahiptir. Gövde düz ve pürüzsüz, ilk yıl kırmızı-yeşil kabuklu, daha sonra gri-gümüşe dönüşmektedir. Bir yaşındaki sürgünler kırmızımsı yeşilimsi olup, yaşlandıkça gri gümüş rengine dönerler. Meyve veren sürgünler, eksen boyunca çiçek tomurcukları ve apikal bir bitkisel tomurcuk ile genellikle kuvvetlidir. Meyve büyüklüğü meyve veren sürgün canlılığı ile ilgilidir. Tomurcuklar, yaprakların boğum tabanında, her boğumda üçlü setler halinde oluşturulur: genellikle merkezde bir vejetatif tomurcuk ve iki yan çiçek tomurcuğu bulunur. Kış uykusundan sonra, yeni sürgün büyümesi çiçeklenmeyi takip eder. Yapraklar mızrak şeklinde, tüysüz ve ince dişli (tırtıklı), düz veya dalgalı, ortada en geniş ve genişlik/uzunluk oranına göre standart veya dar; bıçak tabanında ve yaprak sapında yeşil veya sarı bezler bulunur (veya yoktur); yaprak damarları sarı etli meyveli çeşitlerde sarımsı, beyaz etli meyveli çeşitlerde yeşilimsi beyazdır (Bassi ve ark. 2016).

Şeftali böceklerle tozlaşır. Soğutma ve ısı gereksinimleri, çiçeklenme zamanı ve olgunlaşma, genotipler arasında büyük farklılıklar gösterir; kuzey yarım kürede hasat mevsimi nisan ortasından kasım ortasına kadar uzanır (Bassi ve ark. 2016).

Çiçekler hermafrodittir, normalde 5 taç yapraklı ve 20-30 stamenlidir ve pembe, kırmızı veya beyazdır; gynoecium, nektarinlerde üstün ve tüysüzdür. Çekirdek sertleşmesi sırasında meyve büyümesi daha yavaştır (Bassi ve ark. 2016).

Ticari standartlar 180 ila 230 g gerektirse de, meyve ağırlığı 50 ila 650 g arasında değişebilir. Meyve şekli yuvarlak, dikdörtgen veya düz olabilir; kabuğu (exocarp) tüylü (standart şeftali) veya tüysüzdür (nektarin meyvesi); renk, bu karakterlerin birçok kombinasyonu ile yeşilimsi, beyaz, sarı, turuncu, kırmızı ve mor olabilir. Et sarı veya beyaz olabilir. Sarı renkten ksantofiller ve karotenoidler, kırmızı-mavi renklerden antosiyaninler sorumludur ve beyaz veya sarı meyvelerde bulunur. Esas olarak deri altında veya uca yakın bir yerde bulunurlar, kan eti türlerinde ise hemen hemen tüm etler kırmızıya boyanır. Beyaz etli meyve, tipik aromadan sorumlu olan daha yüksek miktarlarda uçucu (hekzanal, linalool ve dekalakton) bileşiklerden sorumludur. Askorbik asit içeriği çok düşüktür, yaklaşık 10mg/100g taze ağırlık (FW), toplam organik asitler FW'nin yaklaşık % 0.9-1.6'sını oluşturur (Bassi ve ark. 2016).

Dünya çapında şeftali üretimi şu anda 15.000.000 tonu aşmaktadır ve üretimin neredeyse yarısı Asya'dan (çoğunlukla Çin) gelmektedir (Sansavini ve ark. 2006). Avrupa şeftali mahsulünün yaklaşık %30'unu oluştururken, Kuzey Amerika %11, Güney Amerika %6 ve Afrika %5 katkıda bulunmaktadır. Avrupa'daki başlıca üreticiler İtalya, Yunanistan ve İspanya'dır; Kuzey Amerika'da en büyük üretim yoğunluğu batı ve doğu kıyılarında ve Büyük Göller boyunca bulunur. Asya'daki şeftali endüstrisi son on yılda çarpıcı bir şekilde büyürken, dünyanın geri kalanındaki şeftali üretimi sadece orta ila çok az değişiklik göstermiştir. Güney Amerika'daki şeftali endüstrisi hala sınırlıdır, ancak Şili ve Brezilya'da artmaktadır (Hancock ve ark. 2008).

Türkiye'de özellikle Çanakkale, Bursa illerinde daha fazla olmak üzere çoğunlukla Marmara bölgesinde yetiştiriciliği yapılmaktadır.

2.1.2. Şeftalinin Genetik Özellikleri ve Islah Çalışmaları

Şeftali, diğer meyve ağacı türlerinin çoğuna kıyasla nispeten kısa bir gençlik dönemi (2-3 yıl), ayrıca kendi kendine tozlaşma ve nispeten küçük genom boyutu (diploid($n = 8$), 265 Mb) dahil olmak üzere genetik özellikleri nedeniyle Rosaceae familyası için model bir bitki olarak önerilmiştir (Abbott ve ark. 2002).

Ilıman iklim türleri arasında şeftali, ıslah çalışmalarının yoğun olarak yapıldığı bir türdür (Sansavini ve ark. 2006, Huang ve ark. 2008).

İlk ıslahçılar, o dönemdeki çeşitlerin albenilerinin düşük olması, hasat, taşıma ve depolamaya uygun olmamaları nedeniyle, bu çeşitlerin meyve rengi, meyve eti sertliği ve albeni gibi ticari özelliklerinin iyileştirilmesi yönünde çalışmalar yapmışlardır (Özdemir Eroğlu ve Mısırlı, 2012). Şeftali genotiplerinin tanımlanması ve karakterizasyonu uzun zamandır morfolojik ve fizyolojik özelliklere dayanmaktadır. Bununla birlikte, bu tür özellikler her zaman analiz için mevcut değildir ve çevresel koşullardan etkilenebilir (Infante ve ark. 2008). Zamanla tüketici taleplerinin değişmesi, ekoloji ve taşıma imkanlarının genişlemesi ile günümüz ıslahçıları üretici ve tüketiciyi ilgilendiren yeni amaçlar geliştirmişlerdir (Monet ve Bassi, 2008). Bu doğrultuda kullanılan moleküler markörler, morfolojik ve fizyolojik özelliklere bağlı geleneksel markörlerin kullanımına göre önemli avantajlar sunmaktadır (Wünsch ve Hormaza 2002; Martínez-Gómez ve ark. 2003b).

İzoenzimler, şeftalide kullanılan ilk genetik markörler arasındaydı. Bununla birlikte, bu markörlerin kullanımı, geleneksel enzim boyama yöntemleriyle analiz

edilebilen az sayıda lokus ve bazı lokuslardaki düşük varyasyon ile sınırlıdır. Bu markörler özellikle *Prunus* türlerinin badem ve erik olarak karakterizasyonunda kullanılmıştır, çünkü her ikisi de, az sayıda izoenzim polimorfizmi gösteren (Arulsekar ve ark. 1986; Durham ve ark, 1987; Byrne ve Littleton 1988b; Mowrey ve ark, 1990; Agarwal ve Nath, 2001), şeftali ile karşılaştırıldığında (Faust ve Timon, 1995; Scorza ve Sharman, 1996), yüksek düzeyde polimorfizmlere sahip türlerdir (Arulsekar ve ark. 1986; Byrne ve Bacon, 1992). Öte yandan, restriksiyon fragmanı uzunluk polimorfizmi (RFLP) markörleri, DNA fragmanlarının restriksiyon enzimi hibridizasyonuna dayanır (Tanksley ve ark. 1989). RFLP markörleri kodominanttır ve neredeyse sınırsız sayıda markörü algılayabilir. Bu, bahsedilen düşük varyasyon seviyesinden dolayı özellikle şeftalide önemlidir. Bu markörler şeftali genotiplerinin moleküler karakterizasyonunda ve genetik bağlantı haritalarının yapımında kullanılmıştır (Dettori ve ark. 2001).

Rastgele amplifiye polimorfik DNA (RAPD) markörleri, genomdaki rastgele konumların PCR amplifikasyonuna dayanır (Welsh ve McClelland, 1990). RAPD teknikleri şeftalide çeşitlerin tanımlanması (Lu ve ark. 1998; Jun ve ark. 2002; Predieri ve ark. 2006) ve haritaların oluşturulması için başarıyla kullanılmıştır (Warburton ve ark. 1996; Dettori ve ark. 2001). İzoenzimlerin ve RFLP'lerin aksine dominant markörlerdir. Bu özelliğin yanı sıra değişken tekrarlanabilirlik dereceleri ve popülasyonlar arasında aktarım sorunları, kullanımlarını harita yapımında sınırlar. Bu güçlükler, RAPD'leri diziyle karakterize edilmiş amplifiye bölgelere veya SCAR'lara dönüştürerek üstesinden gelinebilir (Paran ve Michelmore, 1993). SCAR, spesifik primerleri kullanan ve potansiyel olarak kodominant markörlere dönüştürülebilen ve PCR koşullarına daha az duyarlı olan PCR tabanlı bir yöntemdir. Ek olarak, amplifiye kısıtlama parçası uzunluk polimorfizmi (AFLP) teknolojisi, PCR kullanılarak genomik kısıtlama fragmanlarının bir alt kümesinin seçici amplifikasyonuna dayanan güçlü bir DNA parmak izi teknolojisidir (Vos ve ark. 1995). AFLP'nin RAPD'ye göre bir takım avantajları vardır: daha fazla lokus analizi ve bantlamanın daha iyi tekrarlanabilirliği. Bu markörler esas olarak şeftalide çeşitlerin genetik haritalanması ve moleküler karakterizasyonu için kullanılmıştır (Lu ve ark. 1996; Sosinski ve ark. 2000).

Son olarak, yine PCR tekniğine dayanan basit dizi tekrarı (SSR veya mikrosatellit) markörleri, yüksek polimorfizmleri, bollukları ve kodominant kalıtları nedeniyle ekin türleri içindeki genetik değişkenliğin değerlendirilmesi için en uygun markörlerdir (Gupta ve ark. 1996; Scorza ve ark. 1996). Şeftali durumunda, neredeyse tüm genomu kapsayan SSR markörleri elde edilmiştir (Vos ve ark. 1995; Cipriani ve ark. 1999;

Testolin ve ark. 2000; Yamamoto ve ark. 2001; Aranzana ve ark. 2002; Georgi ve ark. 2002; Wang ve ark. 2002; Aranzana ve ark. 2003a; Dirlewanger ve ark, 2003).

Bu markörler esas olarak şeftalide çeşitlerin ve ilgili türlerin moleküler karakterizasyonu (Martínez-Gómez ve ark. 2003a; Martínez-Gómez ve ark. 2003c) ve genetik haritalama için (Agarwal ve Nath, 2001; Di Natale ve ark. 2002; Etienne ve ark. 2002; Verde ve ark. 2002; Aranzana ve ark. 2003b; Dondini ve ark. 2007) kullanılmıştır.

Günümüzde, SSR, AFLP, RAPD vb. markör teknikleri yardımı ile tür tanımlama çalışmaları, moleküler markörlerle seleksiyon (MAS) ve genetik haritalama çalışmaları gerçekleştirilmektedir.

Basit Mendel kalıtımına sahip morfolojik, kalite ve agronomik karakterler ile şeftalide çoğunluğu polimorfik olan bazı kantitatif karakterlerin bağlantı haritaları oluşturulmuş durumdadır (Dirlewanger ve ark. 2004; Dirlewanger ve ark. 2006). Ayrıca tüm şeftali genom sekansı yayınlanmıştır (<http://www.rosaeae.org/peach/genome>).

2.3. Moleküler Markörler

Moleküler markörler polimorfizm gösteren ve moleküler bir teknik kullanılarak tespit edilebilen herhangi bir DNA dizisi olarak tanımlanmaktadır (Saraswathy ve Nachimuthu, 2011).

Antosiyaninler, fenolikler vb. gibi ikincil metabolitler, farklı bitki çeşitlerini ayırt etmek için markör olarak kullanılan ilk moleküllerdi. Ancak istikrarsızlık ve sınırlı bulunabilirlik gibi çeşitli faktörler yaygın kullanımlarını kısıtlamıştır. Enzim markörleri (allozimler ve izozimler), DNA dizilerinde karşılaşılan polimorfizme dayalı olarak farklı bireyler arasındaki değişkenliği saptayan daha güçlü DNA markörlerinin bulunmasından kısa bir süre önce önem kazanmıştır. Moleküler biyoloji alanındaki ilerlemeler, özellikle son kırk yılda bir dizi moleküler genetik markörlerin gelişimini kolaylaştırmıştır. DNA markör sistemlerinin çözünürlüğü ve kullanılabilirliği, nükleik asit hibridizasyonu, polimeraz zincir reaksiyonu ve son zamanlarda DNA dizileme tekniklerindeki ilerleme ile önemli ölçüde iyileşmiştir (Grover ve Sharma, 2014).

Moleküler markörler, genetik varyasyonun tahlil edilmesi için gerekli araçlardır ve fenotipik ile genotipik varyasyonu bağlamak için etkili bir yöntemdir (Varshney ve ark. 2005a). DNA tabanlı moleküler markörler, bitki ıslahı, taksonomi, fizyoloji, embriyoloji ve genetik mühendisliği gibi biyolojinin farklı alanlarında kullanılan çok amaçlı araçlardır (Schlötterer 2004). Çeşitli moleküler tekniklerin ilkelerinde ve

metodolojilerinde farklılıklar olması, bu tür markör tiplerinden birinin veya daha fazlasının seçilmesinde dikkatli bir şekilde düşünülmesini gerektirmektedir (Parveen ve ark. 2016).

İdeal DNA markörü: 1- analiz edilen fenotipleri tanımlama potansiyeline sahip olmak için oldukça polimorfik olmalıdır; 2- markörler ve ilgilenilen genler arasındaki sıkı bağlantıyı tanımlama ve doymuş genetik haritalar oluşturma potansiyeline sahip olmak için genomda bol miktarda ve homojen olarak dağılmış olmalıdır; 3- ilgilenilen fenotipi kontrol eden genin spesifik bir aleline bağlanması için piyasa alelinin kodominant olması gerekmektedir (Ben-Ari ve Lavi 2012).

Moleküler markörler hibridizasyon temelli (RFLP), sekans temelli (SNP) ve PCR temelli (RAPD, AFLP, SSR) olmak üzere sınıflandırılabilir.

2.3.1. Hibridizasyon Temelli Markörler

2.3.1.1. Kısıtlama Fragman Uzunluk Polimorfizmi (RFLP)

RFLP, genomik DNA'nın sınırlandırılmasından sonra farklı uzunluklarda DNA fragmanlarının oluşumunu tespit etme yeteneği sağlamıştır. Agaroz jel elektroforezi ve Southern blotlamadan sonra, kısıtlı fragmanlar kısa, tek kopya genomik veya cDNA radyoaktif olarak etiketlenmiş problara hibridize edilir ve otoradyografi ile görselleştirilir. Bu markörler, kodominant olmasının yanı sıra, benzersiz bir lokus da tanımlar. Özetle, RFLP'ler farklı genotipleri ayırt etmek için çok bilgilendirici ve güvenilirdir (Gebhardt ve ark. 1989). Potansiyelleri, genom haritalama (Bonierbale ve ark. 1988), gen etiketleme (Yoshimura ve ark. 1992), popülasyon dinamiklerini anlama (Raybould ve ark. 1996) ve taksonomik ilişkiler kurma (Jena ve Kochert, 1991) için bitki sistemlerinde gerçekleştirilmiştir.

2.3.2. Sekans Temelli Markörler

2.3.2.1. Tek Nükleotit Polimorfizmi(SNP)

Tek bir nükleotitteki farklılıklara (ikame, silme veya ekleme) özgü polimorfizmler sıklıkla meydana gelir ve tek nükleotid polimorfizmleri (SNP) olarak adlandırılır. SNP'lerin çoğu, kodlamayan genomik bölgelerde yer almasına rağmen,

önemli bir hastalık veya diğer fenotiplerle ilişkili genlerdeki mutasyonlara karşılık gelir (Grover ve Sharma, 2014). SNP' i genotiplemek için DNA sekanslama gibi yöntemler kullanılır.. Genotiplemede her alel, dizideki asıl nükleotit tarafından tanımlanır (Ben-Ari ve Lavi, 2012). SNP'ler tek lokus markörleridir ve çoğunlukla her lokusta iki aleli vardır, düşük düzeyde polimorfizm gösterir. Kodominant markörlerdir.

2.3.3. PCR Temelli Markörler

2.3.3.1. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA Markörleri (RAPD)

Yaygın olarak kullanılan rastgele amplifiye edilmiş polimorfik DNA (Williams ve ark. 1990), %60 veya daha fazla GC içeriğine sahip rastgele dizili tek bir 10 bazlı primerin kullanımına dayanan modifiye edilmiş bir PCR tekniğidir (Grover ve Sharma, 2014). Genotiplerken bantlama paterni, her bandın varlığını veya yokluğunu belirlemek için 1/0 matrisine dönüştürülür. RAPD markörlerinin polimorfizmin kaynağı primer ve DNA kalıbı arasındaki homoloji, belirli bir bandın varlığına neden olur. Belirli bir lokusta bir primerin kalıp DNA'ya hibridizasyonunu önleyen herhangi bir mutasyon, bu bandın yokluğuyla sonuçlanır (Ben-Ari ve Lavi 2012).

RAPD'ler, aynı anda birçok lokusta polimorfizmlerin taranmasında yaygın olarak kullanılmaktadır (Hu ve Quiros, 1991; Grattapaglia ve Sederoff, 1994). RAPD multilokus markörleridir ve kalıtım şekli dominanttır. RAPD, az miktarda DNA (15-25 ng) gerektirir ve birkaç saat içinde gerçekleştirilebilir (Grover ve Sharma, 2014). En büyük avantajlardan biri, primer yapıları için önceden dizi verisine ihtiyaç duymayan çok sayıda rastgele primerin ticari olarak temin edilebilir olmasıdır (Parveen ve ark. 2016). Ayrıca, RAPD daha az teknik uzmanlık gerektirir. İlgilenilen bir özellikle bağlantılı RAPD amplikonları, toplu ayrıştırma analizi yoluyla tanımlanabilir (Michelmore ve ark. 1991) ve genellikle genomun her yerine dağılmış çok sayıda markör elde edilir (Grover ve Sharma, 2014). Bununla birlikte, soylarda ebeveyn olmayan bantların (Riedy ve ark. 1992) ortaya çıkması, moleküler haritalamada RAPD'lerin kullanımını belirli bir dereceye kadar kısıtlar. RAPD deneylerinde tekrarlanabilirliği sağlamak için deneysel koşullara sıkı sıkıya bağlı kalınması önerilmiştir (Penner ve ark. 1993).

2.3.3.2. oğaltılmış Fragman Uzunluk Polimorfizmi (AFLP)

oğaltılmış fragman uzunluğu polimorfizmi spesifik kısıtlama enzimleri tarafından oluşturulan ve birkaç nükleotit bazının oligonükleotit adaptörlerine bağlanan seçici kısıtlama fragmanlarının PCR amplifikasyonuna dayanır (Vos ve ark. 1995). Teknik dört adım içerir: (1) DNA'nın kısıtlanması ve oligonükleotid adaptörlerinin ligasyonu, (2) ön seçici amplifikasyon, (3) seçici amplifikasyon ve (4) amplifiye fragmanların jel analizi.

DNA hem 4 hem de 6 baz çifti kesen restriksiyon enzimleri tarafından kısıtlanır. Spesifik kısıtlama bölgelerine homolog spesifik evrensel adaptörler, daha sonra elde edilen DNA fragmanlarına bağlanır. Bir çift primer tarafından süstitüe edilmiş fragmanlar, evrensel primerlere homolog primerler kullanılarak PCR ile çoğaltılır (Ben-Ari ve Lavi, 2012). Primerler, adaptöre özgü olmanın yanı sıra, rastgele konumlardan genomik fragmanları seçici olarak büyütmek için 3'-ucunda 1-3 nükleotitlik rastgele uzatılarak ikinci bir PCR yapılır (Grover ve Sharma, 2014). Ayrılan DNA fragmanları daha sonra poliakrilamid jellerin otoradyografi veya floresans metodolojileri yoluyla denatüre edilmesiyle puanlanır (Vos ve ark. 1995; Jones ve ark. 1997). Genotipleme sırasında bant paterni, her bandın varlığını veya yokluğunu belirlemek için 1/0 matrisine dönüştürülür (Ben-Ari ve Lavi, 2012). Multilokus markörlerdir.

AFLP'ler, RAPD'lerden daha fazla tekrarlanabilir (Savelkoul ve ark. 1999), bu nedenle popülasyon ve genetik çalışmaları için daha güvenilirdir. AFLP, hayvan, bitki ve mikrobiyal türlerde popülasyon genetiği ve genetik çeşitliliği incelemek için çok popüler bir tekniktir (Savelkoul ve ark. 1999). AFLP'lerin polimorfik bilgi içeriği genellikle mikrosatellitlerden daha azdır (Pejic ve ark. 1998). AFLP'ler dominant kalıtım gösterirler, pahalıdırlar, yoğun emek gerektirirler ve fragmanlar gümüş boyama, floresans veya radyoaktivite ile tespit edildiğinden ve büyük sekanslama jelleri veya otomatik DNA sekanslayıcılarda çözüldüğünden teknik uzmanlık gerektirir (Grover ve Sharma, 2014).

2.3.3.3. Mikrosatellitler(SSR)

Mikrosatellitler (Litt ve Luty 1989), bugüne kadar analiz edilen tüm prokaryotik ve ökaryotik genomlarda sıkça görülen 1-6 bp'lik ardışık tekrarlanan motiflerdir (Zane ve ark. 2002). Hamada ve ark. (1982) mayalardan omurgalılara kadar çeşitli ökaryotlarda,

Delseny ve ark. (1983) ile Tautz ve Renz (1984), bitkilerde ve diğer birçok ökaryotta mikrosatellitlerin varlığını doğruladı.

SSR markörleri, hiperdeğişkenlik, çok alelik, ortak kalıtım, tekrarlanabilirlik, geniş genom kapsamı, kromozoma özgü konum, otomasyona uygunluk ve yüksek verimli genotipleme dahil olmak üzere birçok arzu edilen nitelik nedeniyle bitki genetiği ve ıslahında önem kazanmıştır (Parida ve ark. 2009).

SSR'lar hem kodlayan hem de kodlamayan bölgelerde bulunur ve nükleer genom boyunca dağılmıştır. Bunlar ayrıca kloroplastik (Provan ve ark. 2001; Chung ve ark. 2006) ve mitokondriyal (Soranzo ve ark. 1999; Rajendrakumar ve ark. 2007) genomlarında da bulunabilir. SSR'lar, lokus başına düşük derecede tekrar (5-100), genom başına yaklaşık (104-105) rastgele dağılım (Tautz 1993) ve yüksek derecede uzunluk polimorfizmi (Zane ve ark. 2002) ile karakterize edilir. Yüksek uzunluktaki polimorfizm, mikrosatellit bölgelerindeki farklı sayıda tekrardan kaynaklanır, bu nedenle polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile kolayca ve tekrarlanabilir bir şekilde tespit edilebilirler. Bu markörler yüksek verimli genotiplemeye uygundur ve babalık analizi, yüksek yoğunluklu genom haritalarının oluşturulması, faydalı genlerin haritalanması, markör destekli seçim (MAS), genetik ve evrimsel ilişkilerin kurulması için son derece değerli bir araç oldukları kanıtlanmıştır (Parida ve ark. 2009).

2.4. Mikrosatellitlerin Genler İçindeki Dağılımı Ve Etkileri

Çok sayıda kanıt, SSR'lerin kodlamayan DNA'nın büyük bir bölümünü oluşturduğunu göstermiştir. Bununla birlikte, son zamanlarda birçok rapor, protein kodlayan genler ve eksprese edilmiş dizi etiketleri (EST'ler) dahil olmak üzere genomların kopyalanmış bölgelerinde çok sayıda SSR'nin bulunduğunu doğrulamıştır, ancak bu bölgelerdeki tekrarlanan SSR'ların sayısı nispeten düşüktür (Morgante ve ark. 2002; Li ve ark. 2004). Örneğin, tahıllardaki (mısır, buğday, arpa, sorgum ve pirinç), EST'lerde sadece % 1.5- %7.5 arasında SSR bulunur (Kantety ve ark. 2002; Thiel ve ark. 2003). Dinükleotid tekrarları birçok türde en yaygın olanıdır, ancak kodlama bölgesinde kodlama yapmayan bölgelere göre çok daha az sıklıkta görülür (Li ve ark. 2002; Wang ve ark. 1994). Birçok türde, ekzonlar diğer tekrarlardan daha fazla üçlü SSR'a sahiptir (Morgante ve ark. 2002; Li ve ark. 2004). Kodlama bölgelerindeki üçlülerin diğer tekrarlar üzerindeki bu baskınlığı, muhtemelen tekrar birimlerinin sayısındaki artış veya azalış ile okuma çerçevesindeki değişiklik nedeniyle kodlama bölgelerinde trimerik

olmayan SSR'ların baskılanması temelinde açıklanabilir (Kalia ve ark. 2011). Bitkilerde en yaygın üçlü AAG'dir (Li ve ark. 2004), tahıllarda ise en yaygın üçlü CCG'dir (Cordeiro ve ark. 2001; Varshney ve ark. 2002; Thiel ve ark. 2003). CCG tekrarının bolluğu monokotların spesifik bir özelliğidir ve artan GC içeriğine bağlı olabilir (Morgante ve ark. 2002) veya belirli amino asitlerin yüksek frekansları ile ilgili olabilir. Mikrosatellitlerin genel sıklığı bitkilerdeki genom boyutuyla ters orantılıdır, ancak tekrarlayan DNA yüzdesi, daha fazla mononükleotit tekrarına sahip dikotlar ve daha fazla trinükleotid tekrarına sahip monokotlar (Lawson ve Zhang, 2006) ile kodlama bölgelerinde sabit kalmıştır (Morgante ve ark. 2002). Bitkiler AT tekrarları bakımından zengindir, hayvanlarda ise AC tekrarı en yaygın olanıdır. Bu, bitki ve hayvan genomlarını ayıran genel özellik gibi görünmektedir (Powell ve ark. 1996).

SSR'ın genomdaki yeri fonksiyonel rolünü belirler. Bunlar, gen regülasyonu, gelişimi ve evrimi dahil olmak üzere genetik fonksiyonların tüm yönlerini etkileme potansiyeline sahiptir. Bir kodlama bölgesinde bulunan bir mikrosatellit, bir genin aktivasyonunu ve dolayısıyla bir proteinin ekspresyonunu etkileyebilir. Kodlayıcı olmayan veya genik bir bölgede, örneğin 5' untranslated bölge (UTR'ler) veya intronlarda bulunursa, mikrosatellit gen düzenlemesini veya gen transkripsiyonunu etkileyebilir (Lawson ve Zhang, 2006). Çok çeşitli organizmalarda mevcut büyük ölçekli veri tabanına göre, UTR'ler (5'-UTR, 3' UTR ve intronlar) kodlama bölgelerinden daha fazla SSR'a sahiptir. İntronik SSR'ların çoğu monomerik veya farklı taksonomik gruplardaki dimerlerdir (Li ve ark. 2004). 5' UTR'ler, Arabidopsis (Morgante ve ark. 2002) ve arpa (Thiel ve ark. 2003)'daki 3'-UTR'lerden daha fazla üçlü içeriyordu. 5' UTR'nin aksine, monomerler Arabidopsis'teki 3' UTR'de daha yaygındır (Morgante ve ark. 2002). 5'-UTR'lerde SSR'ların varlığı, bazı genlerin ekspresyonu için gereklidir ve SSR'lerdeki varyasyonlar, transkripsiyon ve translasyonu etkileyerek bu genlerin ekspresyonunu düzenleyebilir. 3'-UTR'deki SSR genişlemeleri, transkripsiyon kaymasına neden olur ve eklenmeyi ve diğer hücrel işlevleri bozabilen genişletilmiş mRNA üretir. İntronik SSR'lar ayrıca gen transkripsiyonunu ve translasyonunu düzenleyebilir. Ek olarak, 5' UTR'de SSR'lar ile birlikte gen ekspresyonu için bir ortak düzenleyici olarak da davranabilir. İntronlarda ve 3' UTR'de SSR genişlemesi, gen sessizleşmesine veya fonksiyon kaybına yol açabilir. Gen içindeki SSR genişlemesi veya daralmasının neden olduğu tüm bu etkiler nihayetinde fenotipik değişikliklere yol açabilir (Li ve ark. 2004). Eksondaki SSR genişlemesi veya daralması, çerçeve kayması mutasyonu veya genişletilmiş mRNA toksisitesi yoluyla gen fonksiyonunun kazanılmasına veya kaybına

yol açabilir (Li ve ark. 2004). Bununla birlikte, SSR'ları içeren genlerin işlevi ve bu SSR motiflerinin bitki genlerindeki rolü daha az çalışılmış ve yeterince anlaşılmamıştır (Varshney ve ark. 2005a). Fujimori ve ark. (2003), bitki genlerinin 5' komşu bölgesinde yüksek frekansta bulunan mikrosatellitlerin, gen ekspresyonunu düzenlemede potansiyel olarak faktör olarak hareket edebileceğini öne sürdü. Pirinçte, amiloz içeriği, *waxy* genin 5' UTR'sindeki GA veya CT tekrarlarının sayısındaki varyasyon ile ilişkilendirildi (Bao ve ark. 2002). Başka bir örnekte, mısırın ribozomal protein genlerinin 5' UTR'sindeki (CCG)_n'nin döllenenin düzenlenmesinde rol oynadığı bulunmuştur (Dresselhaus ve ark. 1999).

2.5. Mikrosatellitlerin Geliştirilmesi

SSR markörlerinin bitki genetiğinde geniş uygulanabilirliğine rağmen, bunların gelişimi türlerin çoğunda, özellikle de küçük mahsullerde büyük bir darboğaz olmaya devam etmektedir. Bunun nedeni, SSR'ların ilk kez incelenen türlerin çoğundan *de novo* olarak izole edilmesi gerektiğidir. Ek olarak, hayvan genomuna kıyasla bitki genomlarındaki nispeten düşük mikrosatellit frekansı, büyük ölçekli izolasyonları için teknik sorunlara neden olur (Powell ve ark. 1996). Mikrosatellitler genellikle hem kodlayan hem de kodlamayan bölgelerde bulunur, ancak kodlama yapmayan bölgelerde nükleotit ikame oranı yüksektir. Geleneksel olarak, mikrosatellit lokusları, tekrar içeren problemlerle koloni hibridizasyonu yoluyla birkaç binlerce klonun taranmasıyla ilgilenilen türlerin kısmi genomik kitaplıklarından izole edilmiştir. Bu yöntem, özellikle mikrosatellit bakımından zengin genomlar için nispeten basit olmasına rağmen, düşük mikrosatellit frekanslarına sahip türler için son derece verimsiz olabilir (Zane ve ark. 2002). Konvansiyonel genomik kütüphane yapımı ve tarama, yüksek düzeyde uzmanlık gerektiren meşakkatli ve maliyetli bir süreçtir. Ancak, bir kez geliştirildiğinde, bu markörlerin işletme maliyeti yeterince düşüktür. Bitkilerde en bol bulunan SSR tipi olan AT dinükleotidi palindromik oldukları için kütüphanelerden izole edilmeleri zordur (Powell ve ark. 1996). Bu nedenle, mikrosatellit izolasyonuna harcanan süreyi azaltmak ve mikrosatellit lokuslarının verimini önemli ölçüde artırmak için çeşitli alternatif stratejiler geliştirilmiştir (Kalia ve ark. 2011).

2.5.1. Türler Arası Aktarılabirlik Yoluyla Mikrosatellit Geliştirme

Karşılaştırmalı genetik, gen içeriğinin ve düzeninin yakından ilişkili türler arasında yüksek oranda korunduğunu ortaya çıkarmıştır. Birkaç ekin bitkisinden elde edilen dizi verileri, iki veya daha fazla yakından ilişkili cins/tür genomları arasında mevcut yeterli homolojiyi gösterir. Böylece, bir türden elde edilen diziler temelinde tasarlanan primer çiftleri, ilgili türlerdeki ve hatta aynı familyanın başka bir cinsindeki SSR'ları tespit etmek için kullanılabilir. Yaygın olarak “aktarılabirlik” olarak bilinen taksonlar arasında SSR markörlerini etkin bir şekilde transfer etme yeteneği birçok türde başarılı bir şekilde gösterilmiştir (Ellis ve Burke 2007; Varshney ve ark. 2007). Hem genik hem de genomik SSR markörleri türler arasında aktarılabir, ancak gen SSR markörlerinin ilgili türler arasında kopyalanan bölgelerin korunması nedeniyle yüksek aktarım hızına sahip olması beklenir. Birçok çalışmanın sonuçları, EST-SSR'ların yalnızca bir cins içindeki türlere değil, bazı durumlarda bir aile içindeki birden fazla cinsle bile aktarılabileceğini açıkça göstermiştir (Ellis ve Burke 2007).

Bir markör sisteminin çapraz transfer edilebilirliğinin kapsamı, karşılaştırmalı genom haritalama ve filogenetikteki uygunluğunu belirler. Bu mikrosatellit tespit yöntemi, özellikle ne dizi bilgisinin ne de genetik haritaların mevcut olmadığı küçük mahsullerde faydalıdır. Küçük ürünlerdeki morfolojik markörlere dayalı olan çeşitlilik çalışmalarının ve filogenetik ilişkilerin çoğu artık aktarılabir SSR markörleri kullanılarak daha sağlam bir şekilde değerlendirilebilir. İlgili türlerden aktarılabir SSR'lerin karşılaştırmalı haritalanması, küçük türlerde bir genetik harita elde edilmesine ve daha az markör ile kromozomal bölgelerin daha iyi zenginleştirilmesine yardımcı olacaktır. Ayrıca işlevi bilinen bir genden alınan SSR markörü, ilgili türlere aktarılabiriyorsa, homolog gen tanımlaması ve ilgili türlerde klonlama için kullanılabilir (Kalia ve ark. 2011).

2.6. Markör Destekli Seçim(MAS)

Moleküler tekniklerin gelişmesiyle birlikte, MAS artık ekinleri iyileştirmede geleneksel yetiştirme programlarını geliştirmek için kullanılmaktadır ve modern bitki ıslahı, germplazmın hızlı ve kesin analizi ve özellik haritalaması için moleküler markörlere bağımlıdır (Koebner ve Summers, 2002). Moleküler markörler, yetiştirme programlarında ebeveyn genotiplerini seçmek ve fenotipik tahliller kullanarak ölçülmesi

zor olan özellikleri seçmek için kullanılan geleneksel seçim için tamamlayıcı araçlardır (Bertrand ve ark. 2008).

2.7. Transkripsiyon Faktörleri

Transkripsiyon faktörleri (TF), hedef genlerin promoterlerindeki spesifik DNA sekanslarına bağlanarak gen ekspresyon seviyelerini düzenleyen ve böylece transkripsiyon oranlarını artıran veya baskılayan proteinlerdir (Riaño-Pachón ve ark. 2007; Sharma ve ark. 2020). Hem transkripsiyon hem de transkripsiyonun regülasyonu, transkripsiyon faktörleri olarak bilinen spesifik protein faktörlerine bağlıdır. Bunlar, gen düzenleyici bölgelerdeki belirli DNA dizilerine bağlanır ve transkripsiyonu kontrol eder (Sharma ve ark. 2020).

Transkripsiyon faktörleri birçok biyolojik sürecin düzenlenmesinde önemli rol oynar. TF'lerin fonksiyonel karakterizasyonu; transkripsiyonel düzenleyici ağları ve dahil oldukları biyolojik süreçleri anlamak için gereklidir (Zhang ve ark. 2015). Günümüzde, bitkiler aleminde en az 64 transkripsiyon faktörü ailesi tanımlanmıştır (Perez-Rodriguez ve ark. 2010).

2.8. Bitki Transkripsiyon Faktörü Aileleri

Gen ekspresyonunun transkripsiyonel regülasyonu, genel olarak temel düzenleyici mekanizma olarak kullanılır ve büyük ölçüde, karşılık gelen genlerin promotör ve enhancer bölgelerinde bulunan ve hareket eden elementleri tanıyan sekansa spesifik DNA bağlama proteinleri aracılığıyla gerçekleştirilir. Bu tür transkripsiyon faktörlerinin ilgili cis-hareket eden elementlere bağlanması, mRNA sentezini başlatmak için bazik transkripsiyon faktörleri ve RNA polimeraz dahil olmak üzere transkripsiyon mekanizmasının diğer bileşenlerini kolaylaştırır. Geçtiğimiz birkaç yıl içinde, bitkilerde yüzlerce transkripsiyon faktörü tanımlandı ve sonuç olarak, bitkilerin birçok tipte DNA proteini ve protein-protein etkileşimi benimsediği ortaya çıktı. Bazı motifler bitki faktörlerine özgü iken diğerleri maya ve hayvan transkripsiyon faktörlerinde de bulunur (Meshi ve Iwabuchi, 1995).

2.8.1. Temel Bölge Lösün Fermuar (bZIP) Proteinleri

Bir bZIP alanı içeren transkripsiyon faktörleri ailesi, bitkilerdeki en büyük transkripsiyon faktörleri aileleri arasındadır ve bu proteinler tüm ökaryotlarda bulunur. Bitkilerde abiyotik stres, tohum olgunlaşması, çiçek gelişimi ve patojen savunmasına yanıt olarak genleri düzenler (Jakoby ve ark. 2002).

Bitki büyümesini ve gelişimini düzenlemenin yanı sıra, bZIP TF'leri, kuraklık gibi abiyotik stres tepkisi ile ilgili olarak çok önemli olmaya devam etmektedir (Llorca ve ark. 2014). Abiyotik stres tepkileri üzerine yapılan çalışmalar, bZIP TF'lerin ABA ile indüklenebilir olduğunu doğrulamıştır, bunlar, spesifik ABRE'nin promotör bölgesi ile bağlandıktan sonra stresle ilgili genlerin ABA'ya bağımlı şekilde ekspresyonunu düzenler (Llorca ve ark. 2014).

2.8.2. Temel Bölge Sarmal Döngü Sarmal (Helix-Loop-Helix)(bHLH) Proteinleri

bHLH transkripsiyon faktörleri, mantarlarda, bitkilerde ve hayvanlarda organizmaların geniş bir çevresel faktör grubuna yanıt vermesi için gerekli olan bulunan eski bir aileyi temsil eder. Ailenin bireysel üyeleri, hücrelerin çevredeki belirli besinlere (glikoz, steroller, inositol, kolin, demir ve kalsiyum) yanıt vermesini sağlayan farklı gen ekspresyonunu yönlendirebilir, hipoksik koşullardan ve ksenobiyotiklerden hücrel ve sistemik korumayı teşvik edebilir ve ışığa tepki olarak organizmanın büyümesini koordine eder. Diğer üyeler, hücre tipine özgü spesifikasyon, farklılaşma, çoğalma ve apoptoz yoluyla embriyogenez sırasında hücre tiplerinin çeşitlendirilmesi için gereklidir (Ledent ve ark. 2002; Simionato ve ark. 2007).

2.8.3. MYB Proteinleri

MYB protein ailesi geniştir, işlevsel olarak çeşitlidir ve tüm ökaryotlarda temsil edilir. Çoğu MYB proteini, DNA'yı bağlama yeteneklerini veren değişen sayıda MYB alanı tekrarı ile transkripsiyon faktörleri olarak işlev görür. Bitkilerde yaygın olarak dağılırlar ve ABA yanıtı ile ilişkilendirilirler ve ayrıca diğer transkripsiyon faktörleri ile etkileşime girerler.

MYB transkripsiyon faktörlerinin bitkilerdeki rolleri hakkında muazzam miktarda veri mevcuttur (Du ve ark. 2009; Dubos ve ark. 2010). MYB proteinlerinin işlevleri

Arabidopsis, mısır, pamuk, pirinç (*Oryza sativa*), petunya (*Petunia hybrida*), aslanagzı (*Antirrhinum majus*), asma (*Vitis vinifera L.*), kavak (*Populus tremuloides*) ve elma (*Malus domestica*) gibi çok sayıda bitki türünde hem genetik hem de moleküler analizler kullanılarak araştırılmıştır. Geçtiğimiz on yılda MYB ailesinin üyelerinin fenilpropanoid metabolizması (Grotewold ve ark. 1994; Hichri ve ark. 2011), biyotik ve abiyotik stres (Segarra ve ark. 2009; Lippold ve ark. 2009), farklılaşma (Oppenheimer ve ark. 1991; Kang ve ark. 2009; Xie ve ark. 2010) hormon tepkileri örneğin, AtMYB2 (Urao ve ark. 1993), GAMYB ve CpMYB(Gubler ve ark. 1995; Iturriaga ve ark. 1996), B tipi siklin oluşumu (Ito ve ark. 2001) veya bitki savunma reaksiyonları sırasında örneğin, NtMYB1 (Yang ve Klessig 1996; Liu ve ark. 2008) gibi çeşitli biyolojik fonksiyonlarda yer aldığı bulunmuştur.

2.8.4. MADS Box Ailesi

MADS Box genleri hayvanlarda, mantarlarda ve bitkilerde bulunur. Tanımlanan tüm MADS kutu genleri, MADS alanı olarak adlandırılan, 55 ila 60 amino asit uzunluğunda yüksek oranda korunmuş N terminal DNA bağlama alanını kodlar (Tröbner ve ark.1992).

Bitki MADS Box genleri ilk olarak çiçek organ kimliğinin düzenleyicileri rolünde tanımlandı ve o zamandan beri vejetatif, çiçeklenme ve çiçek meristemlerinin meristem kimliğinin belirlenmesi, kök büyümesi, ovül ve dişi gametofit gelişimi, çiçeklenme zamanı meyve olgunlaşması ve ayrılması gibi ek gelişimsel süreçleri kontrol ettiği bildirildi (Zhang ve Forde, 1998; Ng ve Yanofsky, 2001; Giovannoni, 2004; Whipple ve ark. 2004; Colombo ve ark. 2008; Liu ve ark. 2009). Arabidopsis, *A. majus*, *Petunia hybrida*, *Zea mays* ve *Oryza sativa* dahil olmak üzere çeşitli model türleri kullanan çalışmalar, bu fonksiyonların çoğunun anjiyospermiler arasında korunduğunu ortaya koymuştur (Schwarz Sommer ve ark. 2003; Vandenbussche ve ark. 2003; Kater ve ark. 2006).

2.8.5. B3 Ailesi

B3 domaini ilk olarak mısırın VIVIPAROUS 1'inde (VP1) (*Zea mays*; McCarty ve ark. 1991) ve onun Arabidopsis ortholoğunda ABSCISIC ACID INSENSITIVE 3'te tanımlanmıştır (ABI3; Giraudat ve ark. 1992). B3 domaini diğer alemlerde

bulunmamıştır, bu nedenle B3 içeren bir transkripsiyon faktörü bitkiye özgü olarak kabul edilir. DNA bağlanmasına dahil olan B3 domainine ek olarak, çok alanlı B3 proteinlerinde başka domainler bir arada bulunabilir ve protein protein etkileşimine veya dimerizasyonuna aracılık ettiği düşünülür.

Bir dizi B3 içeren transkripsiyon faktörünün, bitkilerdeki çok sayıda biyolojik süreci düzenlediği, hem vejetatif hem de üreme gelişimini kontrol ettiği veya etkilediği gösterilmiştir (Yamasaki ve ark. 2004, 2008; Swaminathan ve ark. 2008; Romanel ve ark. 2009; Agarwal ve ark. 2011).

2.8.6. AP2/ERF Domaini

APETALA2/Etilen Yanıt Elemanı Bağlayıcı Faktörler (AP2/ERF) ailesi, bitkiye özgü büyük bir TF grubunu kapsar ve çok korunmuş bir AP2/ERF DNA bağlanma alanının varlığı ile karakterize edilir (Song ve ark. 2013). Bu alan, etilene duyarlı transkripsiyonda rolü olan bir DNA dizisi olan GCC kutusuna bağlanır (Rashid ve ark. 2012). AP2/ERF TF'ler, hücre çoğalması, vejetatif ve üreme gelişimi, bitki hormon tepkileri ve abiyotik/biyotik stres tepkileri gibi bitki biyolojik süreçlerinde çeşitli roller üstlenir (Sharoni ve ark. 2011; Xu ve ark. 2011).

2.8.7. WRKY

WRKY ailesi, yüksek bitkilerdeki en büyük on transkripsiyon faktörü ailesi arasındadır (Ülker ve Somssich, 2004)

Bitkilerde, birçok WRKY proteini patojenik bakterilerden (Eulgem ve ark. 2000; Shen ve ark. 2007; Encinas-Villarejo ve ark. 2009; Pandey ve Somssich, 2009; Qiu ve Yu, 2009) mantarlardan (Popescu ve ark. 2009) ve virüslerden (Babu ve ark. 2006; Popescu ve ark. 2009; Tao ve ark. 2009) gelen saldırılara karşı savunmada yer alır. WRKY proteinleri, transkripsiyonu aktive edebilir veya baskılayabilir ve genellikle potansiyel transkripsiyonel aktivasyon ve baskı alanları bakımından zengindir (Miao ve ark. 2008).

2.8.8. AREB/ABF

Birkaç araştırma grubu, bitkilerde kuraklık stresi transkripsiyonel ağları ile ilgili moleküler mekanizmayı aydınlatmıştır. Ozmotik stres koşulları altında, ayrıntılı moleküler analizler, absisik aside duyarlı element bağlayıcı protein (*AREB*)/*ABF*'leri (ABRE bağlama faktörü), ABA sinyali sırasında genlerin ekspresyonunu modüle eden ana transkripsiyonel aktivatör olarak bulmuştur (Maruyama ve ark. 2012). ABA'ya yanıt veren gen ekspresyonu, promotör bölgesinde korunmuş bir ABRE (PyACGTGG/TC) cis-elementi tarafından kontrol edilir. Çalışmalar, ABA'ya yanıt veren genlerin ekspresyonu sırasında birkaç ABRE'nin veya bunun bağlantı elemanları ile kombinasyonlarının temel rolünü ortaya çıkarmıştır (Fujita ve ark. 2013; Nakashima ve Yamaguchi-Shinozaki, 2013). Vasküler dokuya özgü hücrelerin ABA ürettiği ve bunları hedef hücrelere aktardığı bulunmuştur (Kuromori ve ark. 2014). ABA'nın koruyucu hücrelerde ve vasküler dokuya özgü hücrelerde sentezlendiği de gösterilmiştir (Bauer ve ark. 2013).

2.8.9. NAC

NAC gen ailesi, en büyük ve bitkiye özgü TF ailesidir (Puranik ve ark. 2012; Shao ve ark. 2015). NAC kısaltması, petunyadan spesifik bir NAC alanına sahip üç proteinden türetilmiştir, yani, Arabidopsis'te NAM (apikal meristem yok) ve ATAF1/2 ve CUC2 (kap şekilli kotiledon) (Shao ve ark. 2015).

NAC TF'leri, promotöründe CACG çekirdek-DNA bağlama motifine sahip NAC tanıma dizisi (NACRS) ile etkileşime girerek, kuraklığın indüklenebilir gen transkripsiyonuna DEHYDRATION1 ERKEN YANITINI (ERD1) modüle eder (Shao ve ark. 2015).

2.8.10. NIN-like Protein

Nitrat, nitrat redüktaz (*NR*) genleri ve nitrit redüktaz (*NIR*) genleri gibi nitrat asimilasyonu ile ilişkili genleri ve aynı zamanda diğer metabolik yollarda ve bazı gelişim süreçlerinde yer alan genleri de içeren geniş bir gen yelpazesinin ifadesini modüle eder (Wang ve ark. 2003; Scheible ve ark. 2004; Price ve ark. 2004; Bi ve ark. 2007). Bu genlerin nitratla indüklenebilir modülasyonu, *NR* aktivitesi olmayan mutantlarda bile

meydana geldiğinden, nitratın kendisinin bir sinyal molekülü olduğuna inanılır (Scheible ve ark. 1997; Wang ve ark. 2004).

2.9. Şeftali Transkripsiyon Faktörü Aileleri

TF'lere ilişkin bilgiler yalnızca PlantTFDB veri tabanında mevcuttur. Bu veri tabanına göre, farklı bitki genomları tarafından kodlanan TF'ler, tanımlanan 123.497 farklı TF dahil olmak üzere 57 ana multigen familyasında sınıflandırılabilir. En büyük aileler, hepsi bu veri tabanında 8000'den fazla üyeye sahip olan temel sarmal halka sarmal (bHLH) ailesi, ERF (mTERF) ailesi, MYB ailesi ve NAC ailesidir. TF'lerin bu dört üst ailesinin üyeleri, diğerleri arasında mtDNA replikasyonunun kontrolü, embriyo gelişimi, çiçek ve meyve gelişimi, meyve ayrışması, meristem determinasyonu, hücre çoğalması ve farklılaşması gibi çok çeşitli biyolojik süreçlerde yer alır (Littlewood ve Evan, 1995; Souer ve ark. 1996; Roberti ve ark. 2009).

Şeftali genomu içinde, PlantTFDB veri tabanında bugüne kadar 1529 TF tanımlanmıştır ve şeftalide tanımlanan 27.864 protein kodlayan genin yaklaşık %5,3'ünü oluşturmaktadır. Bu oran, Riechmann'ın (2006) 26.000 protein kodlayan genin %6,4'ünün TF'ler olduğunu tahmin ettiği Arabidopsis'te açıklanana benzerdir. Farklı bitki genomları tarafından kodlanan TF aileleri arasında, yaklaşık 30 aile, PlantTFDB veri tabanında tanımlanmış 1000'den fazla üye gene sahiptir. Şeftali genomu ile ilgili olarak, bu TF'lerin sadece dört ailesi [bHLH; ERF (mTERF); MYB ve NAC] 100'den fazla tanımlanmış üyeye sahiptir ve bu TF'lerin sadece 10'unun aile başına 50 veya daha fazla üye geni vardır.

Şeftali MADS-BOX TF ailesinin birkaç üyesi farklı şekilde eksprese edilir ve terminal tomurcuk oluşumu ve tomurcuk dormansisi için meristem gelişimini durduraktan sorumlu genlerin kontrolü ile ilişkilendirilmiştir (Bielenberg ve ark. 2008; Jiménez ve ark. 2009). Arabidopsis'te, MADS-BOX TF'lerin çiçek organ kimliğinde ve petal, ercik ve karpel gelişiminin kontrolünde yer aldığı tespit edilmiştir (Parenicová ve ark. 2003).

AP2/ERF veya AP2/EREBD (Etilen Duyarlı Eleman Bağlama Faktörü), bitkiler tarafından çeşitli biyolojik süreçlere ve çeşitli biyotik ve abiyotik stres türlerine yanıt vermek için kullanılan farklı büyüme ve gelişme mekanizmaları altında hareket eden çok genli bir TF süper ailesidir. Bu TF ailesi geniştir ancak bitkilere özgüdür ve farklı

AP2/ERF genleri arasındaki dizilerin kimliđinin %13 kadar düşük olduđu tahmin edilmektedir (Riechmann ve Meyerowitz, 1998; Sakuma ve ark. 2002).

Şeftalide (ve diđer Prunus türlerinde), çiçek taç yapraklarında antosiyanin birikimine bađlı renk oluşumu da önemlidir. Pigment birikimi, yapraklardaki bir MYB TF tarafından da düzenlenir (Uematsu ve ark. 2014).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. DNA İzolasyonu

DNA, Doyle ve Doyle'dan (1990) modifiye edilmiş bir CTAB (setiltrimetil amonyum bromür) protokolü izlenerek izole edilmiştir. Bitki materyali olarak yerel çeşitlere ait yaprak doku örneği kullanılmıştır. Örnekler 100 mg sıvı nitrojen ile dondurulmuş, öğütülmüştür. Numuneler, 800 µl CTAB ekstraksiyon tamponunda [100 mmol/L Tris-HCl (pH 8.0), 20 mmol/L EDTA (etilen diamine tetraasetik asit, pH 8.0), 1.4 mol/L NaCl, 2% (w/v) CTAB, 1% PVP (polyvinylpyrrolidone)] 65°C'de 1 saat inkübe edilmiştir. Hücre lizizini takiben, oda sıcaklığında 10 dakika boyunca 14,000 rpm'de (Santrifüj 5810, Eppendorf, Hamburg, Almanya) santrifüjlemeden önce 600 µl kloroform:izoamilalkol (24:1) ilave edilmiştir. Süpernatant fazı alınmış, 200 µl izopropanol ile 4°C'de 60 dk inkübe edilmiş ve 4°C'de 10 dk 14.000 rpm'de santrifüj edilerek DNA peletleri elde edilmiştir. Her numune için 100 µl %70 etanol kullanılarak peletlere bir yıkama adımı uygulanmıştır ve DNA peletleri 100 µl Tris EDTA tamponu (pH 8) içinde yeniden süspanse edilmiştir.

3.2. DNA Örneklerinin PCR İle Çoğaltılması

İzolasyon sonunda elde edilen DNA örnekleri, markör setinden rastgele seçilen SSR markörlerinin amplifikasyonu için kullanılmıştır. PCR karışımları (25 µl), 1X Q5 Reaksiyon Tamponu, her deoksiribonükleotid trifosfattan (dNTP) 0.2 mmol/L, her primerden 0.50 µmol/L ve 5 ng kalıp DNA'dan oluşacak şekilde hazırlanmıştır. Tüm markörler için standart termal döngü koşulları kullanılmıştır ve 98°C'de 30 saniyelik bir ilk denatürasyon döngüsü, ardından 72°C'de 2 dakikalık bir son uzatma aşamasıyla 10 saniye boyunca 98°C'lik, 20 saniye boyunca 60°C'lik, 30 saniye boyunca 72°C'lik, 35 döngüden oluşmaktadır.

PCR ürünlerinin görüntülenmesi için Qiaxcel kapiler elektroforez protokolü kullanılmıştır. Markör fragmanları, PCR amplifikasyonunun ardından bir Qiaxcel Advanced kapiler elektroforez sistemine (Qiagen, Hilden, Almanya) yüklenip yürütülerek görüntülenmiştir. Elektroforez analizleri için bir Qiaxcel DNA High Resolution Kit (Qiagen) kapiler kartuşu kullanılmıştır. Fragman boyutlandırma ve uzunluk standardı hizalama için sırasıyla QX DNA Size Marker 25–500 bp, v2.0 (Qiagen)

ve QX Alignment Marker 15 bp/600 bp (Qiagen) kullanılmıştır. OM800 yüksek çözünürlüklü yöntemi, kapiler elektroforez çalışmaları için 10 s'lik bir numune enjeksiyon süresi ile kullanılmıştır. Markör fragmanları, QIAxcel ScreenGel Yazılımı (Qiagen) kullanılarak görüntülenmiş ve analiz edilmiştir.

3.3. Şeftali (*Prunus persica* L.) Genomunda Transkripsiyon Faktörü Kodlayan Genlerin Tanımlanması ve Karakterizasyonu

Şeftali (*Prunus persica*) cDNA sekans koleksiyonu FASTA formatında ensembl (<https://plants.ensembl.org/index.html>) veritabanından indirilmiştir. Homoloji temelli metodoloji için Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*) ve pirinç (*Oryza sativa*) transkripsiyon faktörü gen setleri PlantTFDB v5.0 (Plant Transcription Factor Database) (<http://planttfdb.gao-lab.org/>)'den indirilmiştir. Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*) ve pirinç (*Oryza sativa*) transkripsiyon faktörleri ile homoloji gösteren şeftali cDNA sekansları BLASTx (Basic Local Sequence Alignment Tool) analiziyle belirlenmiştir. Bunun için birçok biyoinformatik aracının toplandığı Galaxy Europe (<https://usegalaxy.eu/>) sunucusu kullanılmıştır. Bir proteini kodlayan bir nükleotid diziliminin hangi okuma çerçevesinin kodladığı bilinmiyorsa BLASTx analizi kullanılır. Bu algoritma, diziyi olası altı okuma çerçevesine çevirir ve bir protein veri tabanında bu dizilere benzer dizileri arar. Klonlanmış bir cDNA veya genomik DNA parçası tarafından kodlanan proteinin işlevini belirlemek, genomik DNA dizisindeki intronların yerlerini belirlemek ve bir DNA dizisindeki çerçeve kayması hatalarını belirlemek için kullanılır (Stover ve Cavalcanti 2017).

BLASTx analizinde; “Nucleotide Query Sequence” kısmına şeftali cDNA sekansları, “Protein FASTA Subject Sequence” kısmına da Arabidopsis ve pirinç transkripsiyon faktörleri ayrı ayrı yüklenmiş ve parametreler “e- value”: 1E-10, “Advanced Options”: Show Advanced Options, “Max. Hits To Consider” : 5 olacak şekilde çalıştırılmıştır. Elde edilen çıktılar excel dosyası şeklinde kaydedilmiştir.

BLASTx analizi, homoloji belirlediği aynı query-subject sekans çifti için birden fazla HSP (high scoring pair) belirlediğinden, eşleşme gösteren sekanslar her cDNA'dan yalnızca bir tane olacak şekilde filtrelenmiş ve elde edilen cDNA'lar Phyton programı kullanılarak total cDNA koleksiyonundan çekilmiştir.

3.4. Transkripsiyon Faktörü Genlerinde Mikrosatellit Lokuslarının Tanımlanması ve PCR-Temelli Markörlere Dönüştürülmesi

3.4.1. Mikrosatellit Lokuslarının Tanımlanması

BLASTx analizleri ile belirlenen cDNA sekanslarında mikrosatellit lokuslarını tanımlamak için altyapı olarak Perl, R ve Java programlarının da kurulumu yapılarak GMATA (Genome-wide Microsatellite Analyzing Tool Package) (Wang ve Wang, 2016) programı kullanılmıştır. GMATA, büyük genomlarda SSR analizi, primer tasarımı için daha hızlı hesaplama yapması ve mevcut araçlardan daha doğru sonuçlar sağlaması gibi artılarıyla bilinen ve tercih edilen bir yazılımdır.

GMATA'daki primer dizaynı modülü, primerleri tasarlamak için SSR lokuslarını ve onların orijinal DNA dizilerini kullanır. Çıktı olarak oluşan “.sts” dosyası primer bilgisi ve ayrıca şablon DNA dizisindeki çok detaylı primer bilgilerini içermektedir (Wang ve Wang, 2016).

Belirli DNA dizisinde dizayn edilmiş herhangi bir markörün polimorfizmini belirlemek için, bir ileri e-PCR algoritmasına dayalı olarak markör haritalaması (e-mapping) gerçekleştirilir (Schuler 1997). Bu haritalama modülünde girdi olarak markörlerin bulunduğu dosya (.sts) ve bir DNA sekans dosyası kullanılır (Wang ve Wang, 2016).

Programın “SSR identification” bölümünde iki ile altı nükleotidin tandem (sıralı) tekrarları için arama parametreleri: Minimum sekans uzunluğu: 2(nt), Maksimum sekans uzunluğu: 6(nt), Minimum tekrar sayısı: 6 olarak uygulanmıştır.

SSR tanımlama sonunda “.fms”, “.fms.sat1”, “.ssr”, “.ssr.sat2” dosyaları oluşturulmuştur. Bu dosyalar SSR motifleri, motiflerin tekrar sayıları ve yüzdeleri hakkında bilgileri içermektedir.

3.4.2. Markör Dizaynı

SSR tanımlama sonucunda oluşan SSR lokus dosyası (.ssr) ve şeftali genomunda seçilen cDNA'ların bulunduğu FASTA dosyası ile GMATA programının “Marker designing” modülü kullanılarak markör dizaynı gerçekleştirilmiştir. Seçilen parametreler şunlardır: Minimum ampikon büyüklüğü: 100 baz çifti, Maksimum ampikon büyüklüğü: 250 baz çifti, Optimum annealing (tavlama) sıcaklığı: 60°C, Flanking sekans

uzunluğu:400 baz çifti, Maksimum template uzunluğu: 200 baz çifti. Bu aşama sonunda oluşan “.mk”, “.seq”, “.sat3” ve “.sts” dosyaları primer sekans bilgisi, primerin oluşturduğu ürünün uzunluğunu ve primerlerin erime sıcaklıklarını, kromozomdaki lokasyonlarını ve oluşturulan markörlerin sekans bilgilerini içermektedir.

3.5. Intraspesifik (Tür İçi) ve Interspesifik (Türler Arası) Markör Haritalaması, Polimorfik Fonksiyonel Markörlerin Protein Anotasyonu ve 3D Modellemeleri

3.5.1. Tür İçi Markör Haritalaması

GMATA programında markör dizaynından sonra oluşan ve markörleri içeren “.sts” dosyası ile birlikte şeftali genomunda seçilen cDNA sekanslarının olduğu FASTA dosyası kullanılarak e-mapping yapılmıştır. Böylece geliştirilen markörler fiziksel olarak haritalanmıştır.

Benzer şekilde şeftaliye ait 8 kromozomun sekansları FASTA formatında NCBI (National Center for Biotechnology Information) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=prunus%20persica>) server'ından indirilmiştir ve “.sts” dosyası kullanılarak her bir kromozom için e-mapping yapılmıştır.

Her bir kromozom üzerinde yapılan e-mapping, herhangi bir markörün hangi kromozomda haritalandığını ayırt edebilme ve istatistiksel olarak sonuçları sınıflandırma gibi özellikler açısından bir avantaj sağlamaktadır.

Her iki aşamada için de parametrelerden maksimum mismatches ve maksimum indels 0 olacak şekilde ayarlanmıştır ve ayrı ayrı “.emap”, “.frg”, “.amp” ve “.sat4” dosyaları çıktı olarak alınmıştır.

3.5.2. Türler Arası Markör Haritalaması

Markörlerin polimorfizm potansiyelini belirlemek için yakın akraba tür olarak badem (*Prunus dulcis*) seçilmiştir.

Badem *Prunus dulcis* (Mill), çekirdekleri (tohumları) için yetiştirilen ekonomik olarak en önemli mahsullerden biridir. *Arabidopsis thaliana*'nın yaklaşık iki katı kadar olan, nispeten küçük bir genoma sahiptir (Dickson ve ark. 1992). Badem, muhtemelen binlerce yıldır yetiştirildiği Orta Asya'dan gelmiştir ve MÖ 1. yüzyılda İran'dan Kuzeybatı Çin'deki Xin-Jiang'a getirilmiştir (Zhu ve ark. 1983).

Kloroplast DNA analizine dayanarak, şeftali (*Prunus persica*) ve badem (*Prunus dulcis*), yetiştirilen *Prunus* türleri arasında en yakın akraba gibi görünmektedir ve *Amygdalus* alt cinsinde sınıflandırılmaktadır (Badenes ve Parfitt, 1995).

Bademe ait 8 kromozomun sekansı FASTA formatında “ensembl.plants” veritabanından indirilmiştir. GMATA programındaki “mapping” modülüne indirilen kromozom sekansları ayrı ayrı olacak şekilde yüklenmiş; programdaki “marker file” bölümüne şeftali “.sts” dosyası eklenmiştir. Haritalama parametrelerinden “maksimum indels” 0 olacak şekilde değiştirilerek program çalıştırılmıştır. Oluşan “.amp”, “.frg”, “.sat4”, dosyaları amplifikasyon, alel sayıları hakkında bilgi ve haritalama özetini içermektedir.

3.5.3. Polimorfik Fonksiyonel Markörlerin 3D Protein Modellemeleri

P.dulcis ve *P.persica* alel farklılıklarına göre, yani haritalama sonuçlarına göre polimorfik olduğu belirlenen 37 markör seçilmiştir. Markörlerin peptit sekansı düzeyinde anotasyonları için öncelikle nükleotit sekansları ExPasy (<https://web.expasy.org/translate/>) ile peptit sekanslarına dönüştürülmüş ve translasyon işlemi sonunda 3'→5' yönüne ve 5'→3' yönüne 3'er tane olmak üzere toplamda 6 farklı peptit sekansı oluşturulmuştur. Oluşan her bir protein sekansı ile 3D modelleme analizi Swiss Prot sunucusu (<https://swissmodel.expasy.org/>) kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Nükleotit sekansı üzerinde mikrosatellit tekrar sayılarında haritalama analizi sonuçları doğrultusunda değişiklikler yapıp alternatif modeller oluşturulmuştur. Ortaya çıkan alternatif modeller karşılaştırılmış.

Swiss Prot sunucusu homoloji temelli bir modelleme algoritması kullanır ve bilinen yapıya (template/kalıp) sahip benzer bir protein ile hizalama temelinde amino asit dizisinden bir proteinin (hedef) üç boyutlu modellerini oluşturmak için geliştirilmiştir (Topham ve ark. 1990; Peitsch 1995).

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

4.1. Şeftali (*Prunus persica*) Bitkisinde Transkripsiyon Faktörü Kodlayan Genlerin Tanımlanması ve Karakterizasyonu

Tanımlama ve karakterizasyon için *Prunus persica* cDNA sekans koleksiyonu ile Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*) ve pirinç (*Oryza sativa*) transkripsiyon faktörü gen setlerinin homologları indirilmiştir. İndirilen şeftali cDNA'larının sekans sayısı 47.089; pirinç transkripsiyon faktörleri 2.408 ve Arabidopsis transkripsiyon faktörlerinin sekans sayısının 2.296 olduğu belirlenmiştir (Tablo 1). Şeftali ve pirinç BLASTx analizi sonucunda 17.320 hit elde edilmiştir ve elde edilen bu hit'lerden 4136 şeftali cDNA'sının, 1769 pirinç transkripsiyon faktörünün homologları olduğu bulunmuştur (Tablo2). Aynı şekilde şeftali ve Arabidopsis BLASTx analizi sonucunda 22.859 hit elde edilmiştir ve bu hit'lerden 3857 şeftali cDNA'sının, 1771 Arabidopsis transkripsiyon faktörü ile homoloji gösterdiği bulunmuştur (Tablo 2). Toplamda 5462 cDNA sekansı, transkripsiyon faktörü kodlayan cDNA'lar olarak belirlenmiştir. Yapılan BLASTx analizi veri setlerine pirinç transkripsiyon faktörleri ile homolog *Prunus persica* transkripsiyon faktörleri için (<https://figshare.com/s/945c894a11af1d59b116>) adresinden, Arabidopsis transkripsiyon faktörleri ile homolog transkripsiyon faktörleri için (<https://figshare.com/s/9db5eb2c2dc94dc4f4ee>) adresinden erişilebilir. Pirinç ve Arabidopsis transkripsiyon faktörleri ile yapılan BLASTx analizine ait "e-değeri"ne göre küçükten büyüğe sıralanmış ilk on veri Tablo 3 ve Tablo 4'te verilmiştir.

Tablo 1. Homoloji analizinde kullanılan veritabanı sekans sayıları.

Tür	Sekans Sayısı
Şeftali (<i>Prunus persica</i>) cDNA	47.089
Pirinç (<i>Oryza sativa</i>) Transkripsiyon faktörü	2.408
<i>Arabidopsis thaliana</i> Transkripsiyon faktörü	2.296

Tablo 2. *Prunus persica* ile yapılan BLASTx analizi sonuçlarına göre cDNA ve tahmin edilen transkripsiyon faktörleri istatistikleri.

Tür	cDNA Sayısı	Transkripsiyon Faktörü Sayısı	BLASTx Hit Sayısı
<i>Oryza sativa</i>	4136	1769	17.320
<i>Arabidopsis thaliana</i>	3857	1771	22.859
Toplam	5462	-	-

BLAST analizlerinde, “Query” ile bir veri tabanından bir “Subject” (hedef) dizisi arasındaki her hizalama için bir bit-score hesaplanır; bir hizalama ve onun bit-score değeri, aramada belirtilen parametreler tarafından belirlenir (Altschul ve ark. 1990, 1997; Camacho ve ark. 2009). BLAST analizi sonucunda bir eşleşmenin E-değerinin “0” olarak hesaplanması, eşleşmenin tam eşleşme olduğunu gösterir. 0’dan farklı E-değerleri için daha düşük E-değeri, hizalamayı veritabanında tesadüfen gözleme olasılığının daha düşük olduğunu, dolayısıyla hizalamanın daha yüksek bir anlamlılığını gösterir. Ortaya çıkan E değeri, query sekansının uzunluğuna ve veritabanının boyutuna bağlıdır (Gonzalez-Pech ve ark. 2018). Sorgu dizisine çok benzeyen hedef dizileri için E-değerleri oldukça küçük olacaktır. Hedef dizilerini ve sorgu dizisini homologlar olarak talep etme güvenini değerlendirmek için yaygın bir araç olarak kullanılır (Kerfeld ve Scott, 2011).

Tablo 3. “E- değeri”ne göre sıralanmış *O. sativa* ve *P. persica* BLASTx analizi ilk on eşleşmeye ait istatistikler.

Query Sekans	Subject Sekans	E-değeri	Bit-score
ONH89783	LOC_Os01g65900.1	0	614
ONH89785	LOC_Os01g65900.1	0	614
ONH89782	LOC_Os01g65900.1	0	614
ONH89784	LOC_Os01g65900.1	0	614
ONH92353	LOC_Os06g12360.1	0	605
ONH92354	LOC_Os06g12360.1	0	605
ONH93833	LOC_Os01g70810.1	0	662
ONH93834	LOC_Os01g70810.1	0	669
ONH90544	LOC_Os03g09100.1	0	630
ONH90544	LOC_Os07g43030.1	0	599

Tablo 4. “E-değeri”ne göre sıralanmış *A. thaliana* ve *P. persica* BLASTx analizi ilk on eşleşmeye ait istatistikler.

Query Sekans	Subject Sekans	E-değeri	Bit-score
ONH93325	AT2G31280.1	0	566
ONH93325	AT2G31280.3	0	557
ONH93324	AT2G31280.1	0	561
ONH93324	AT2G31280.3	0	550
ONH93326	AT2G31280.1	0	566
ONH93326	AT2G31280.3	0	556
ONH89783	AT1G21450.1	0	666
ONH89785	AT1G21450.1	0	666
ONH89782	AT1G21450.1	0	666
ONH89784	AT1G21450.1	0	666

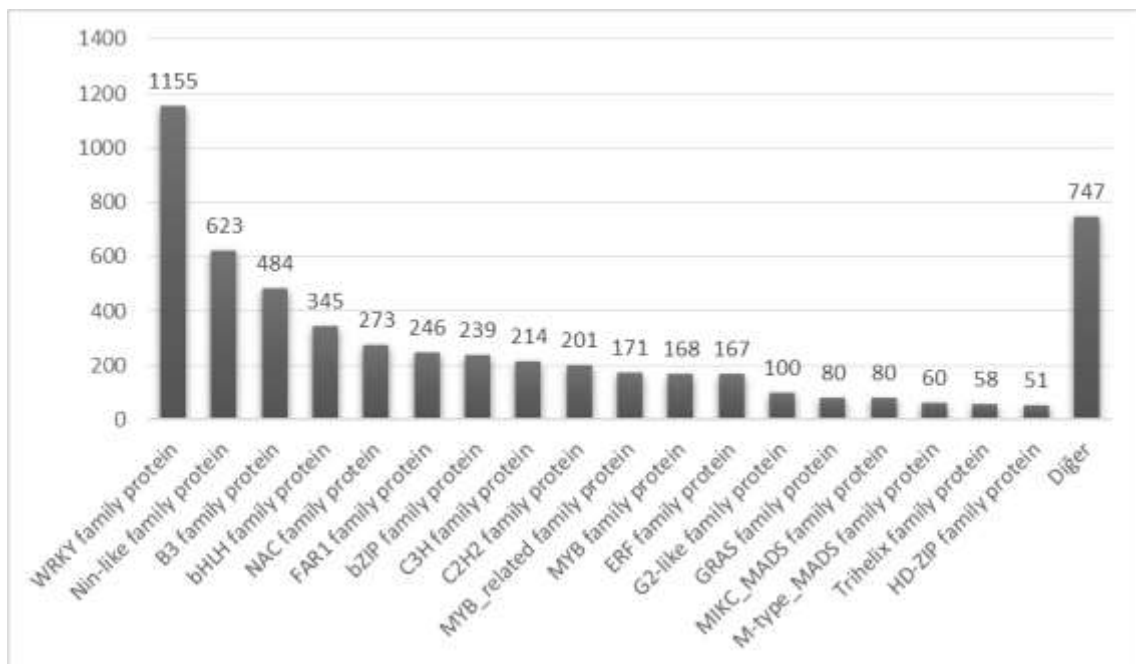
5462 cDNA'ya karşılık gelen *P. persica* transkripsiyon faktörlerine bakıldığında en fazla görülen transkripsiyon faktörü ailesi WRKY(1155) olmuştur. Sırayla onu Nin-like(623), B3(484), bHLH(345), NAC(273), FAR1(246) ve bZIP(239) transkripsiyon faktörü aileleri takip etmektedir. En az görülen transkripsiyon faktörü ailesi ise HRT-like ve LFY olmuştur (Tablo 5 ve Şekil 1). WRKY transkripsiyon faktörleri hakkında Rushton ve ark. (2010) bitkilerdeki en büyük transkripsiyonel düzenleyici gen ailelerinden biri olduğunu ve bitkilerin çoğunda sinyallemede görevli olduğunu bildirmektedir.

Tablo 5. Transkripsiyon faktör aileleri ve eşleşen *P. persica* cDNA sayıları.

Transkripsiyon Faktör Ailesi	cDNA Sayısı
WRKY family protein	1155
Nin-like family protein	623
B3 family protein	484
bHLH family protein	345
NAC family protein	273
FAR1 family protein	246
bZIP family protein	239
C3H family protein	214
C2H2 family protein	201
MYB_related family protein	171
MYB family protein	168
ERF family protein	167
G2-like family protein	100
GRAS family protein	80
MIKC_MADS family protein	80
M-type_MADS family protein	60
Trihelix family protein	58
HD-ZIP family protein	51
LBD family protein	49
ARF family protein	48
TALE family protein	47
SBP family protein	43
HB-other family protein	43
HSF family protein	41
GATA family protein	33
ARR-B family protein	33
BES1 family protein	32
TCP family protein	29
CO-like family protein	29
CPP family protein	27
Dof family protein	27
AP2 family protein	25

Tablo 5. Transkripsiyon faktör aileleri ve eşleşen *P.persica* cDNA sayıları(Devam).

Transkripsiyon Faktör Ailesi	cDNA Sayısı
NF-YC family protein	24
CAMTA family protein	19
E2F/DP family protein	19
NF-YB family protein	19
GRF family protein	18
ZF-HD family protein	16
YABBY family protein	15
WOX family protein	14
BBR-BPC family protein	13
NF-YA family protein	11
SRS family protein	10
GeBP family protein	10
HB-PHD family protein	9
DBB family protein	8
RAV family protein	8
EIL family protein	6
LSD family protein	5
VOZ family protein	5
Whirly family protein	5
STAT family protein	3
NF-X1 family protein	2
HRT-like family protein	1
LFY family protein	1

**Şekil 1.** Transkripsiyon faktörü aileleri ve cDNA sayıları.

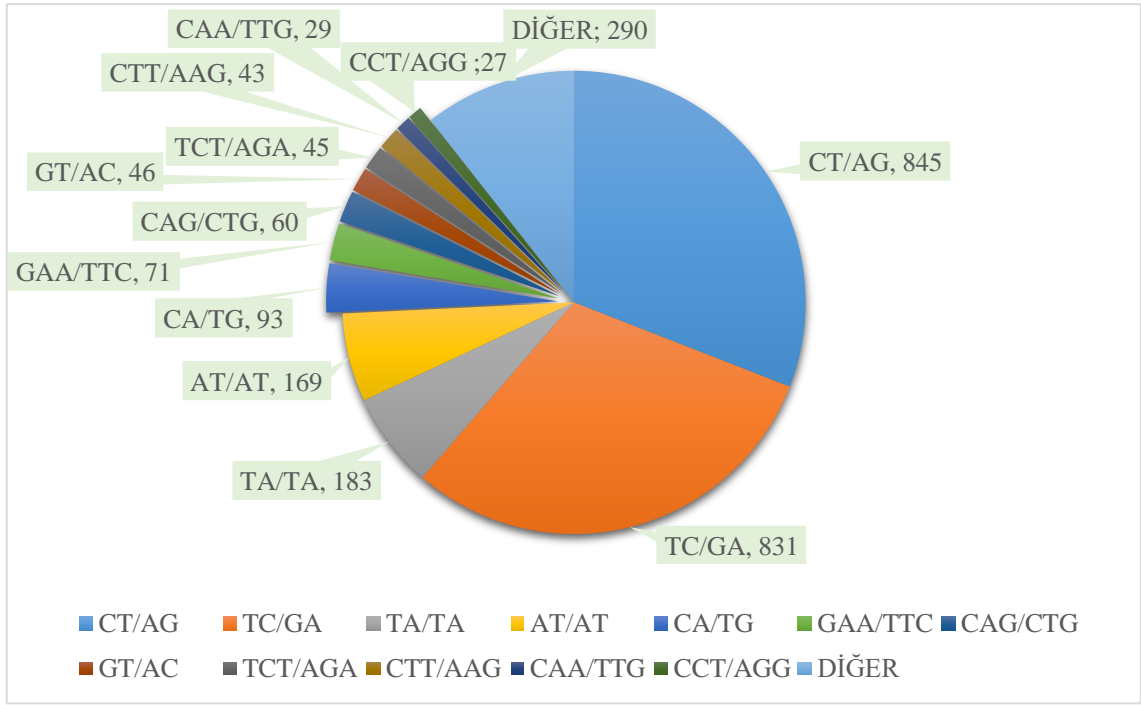
4.2. Transkripsiyon Faktörü Genlerinde Mikrosatellit Lokuslarının Tanımlanması Ve PCR-Temelli Markörlere Dönüştürülmesi

4.2.1. Mikrosatellit Lokuslarının Tanımlanması

Şeftali transkriptomunda Arabidopsis ve pirinç transkripsiyon faktörleri ile homoloji gösterdiği belirlenen sekanslar, markör geliştirme analizlerinde kullanılmıştır. Böylece gen ekspresyonu kontrolünü sağlayan transkripsiyon faktörlerini kodlayan sekanslarda markör geliştirilmesi hedeflenmiştir. Bu amaçla 5462 adet eşsiz cDNA sekansı içinde SSR (basit dizi tekrarı) taraması gerçekleştirilmiştir. Sekanslarda SSR taraması için kullanılan GMATA (Wang ve Wang, 2016) yazılımı sonucunda “.ssr.sat2” çıktısı alınmıştır. Bu dosyaya bakıldığında Tablo 6’da da görüldüğü gibi, toplamda 2732 SSR motifi tanımlanmıştır. Dinükleotit tekrarların birçok türde en yaygın olduğu (Kalia ve ark. 2011) bilinmektedir. Sonuçlarda en fazla görülen motifin 2168 tekrar sayısı ile dinükleotit olduğu ve sonrasında trinükleotit (530) tekrarların geldiği görülmektedir. Tüm bitki genomlarında tetranükleotit, pentanükleotit ve heksanükleotit tekrarlarının sıklığının çok düşük (Sonah ve ark. 2011) olduğu bilgisi sonuçlardaki tetranükleotit (18), heksanükleotit (10) ve pentanükleotit (6) tekrarlarının az olması ile doğrulanmaktadır.

Tablo 6. SSR motiflerinin tekrar sayıları ve yüzdeleri.

Motif(-mer)	Sayı	Yüzde
2	2168	79.4
3	530	19.4
4	18	0.6
5	6	0.2
6	10	0.4
Toplam	2732	100



Grafik 1. Tablo 6’da gösterilen SSR motiflerinin grafik üzerinde dağılımı. DiğER: Görülme sıklığı %1’den düşük değerlerin toplamı.

Tablo 7. Gruplanmış SSR motifleri, bulunma sayıları ve yüzdeleri.

Gruplanmış Motifler	Sayı	Yüzde
CT/AG	845	30.92
TC/GA	831	30.50
TA/TA	183	6.70
AT/AT	169	6.20
CA/TG	93	3.40
GAA/TTC	71	2.60
CAG/CTG	60	2.20
GT/AC	46	1.70
TCT/AGA	45	1.64
CTT/AAG	43	1.60
CAA/TTG	29	1.10
CCT/AGG	27	1.00
GCA/TGC	24	0.90
TGG/CCA	24	0.90
GAT/ATC	23	0.83
AAC/GTT	21	0.80
GAG/CTC	20	0.73
ATG/CAT	19	0.70
TCC/GGA	17	0.60
GTG/CAC	14	0.51
TGA/TCA	14	0.51
TAA/TTA	13	0.50
AAT/ATT	12	0.43
ACA/TGT	12	0.43
GGT/ACC	10	0.40
AGC/GCT	8	0.30
CGG/CCG	7	0.25
TAC/GTA	6	0.21
GGCA/TGCC	6	0.21
CACCAG/CTGGTG	4	0.14

Tablo 7. Gruplanmış SSR motifleri, bulunma sayıları ve yüzdeleri(Devam).

Gruplanmış Motifler	Sayı	Yüzde
TAT/ATA	4	0.14
CTA/TAG	3	0.10
TCTGCC/GGCAGA	2	0.07
CAGCAA/TTGCTG	2	0.07
TTCAG/CTGAA	2	0.07
TCAC/GTGA	2	0.07
TTCT/AGAA	2	0.07
TCTCC/GGAGA	2	0.07
GCG/CGC	2	0.07
TCTT/AAGA	1	0.03
CAGC/GCTG	1	0.03
CTCC/GGAG	1	0.03
CGA/TCG	1	0.03
CTCTTC/GAAGAG	1	0.03
AAGG/CCTT	1	0.03
AGAC/GTCT	1	0.03
CG/CG	1	0.03
CCTC/GAGG	1	0.03
CTTCT/AGAAG	1	0.03
CTCAG/CTGAG	1	0.03
TTTC/GAAA	1	0.03
CTCA/TGAG	1	0.03
TAGAGG/CCTCTA	1	0.03
GAC/GTC	1	0.03
Toplam	2732	100

Bitki genomlarında en bol bulunan motiflerin AT, GA ve GAA (Queller ve ark. 1993) olduğu bilinmektedir.

SSR'lardan 845 tekrarla CT/AG ve 831 tekrarla TC/GA motiflerinin *P. persica* transkripsiyon faktörü genlerinde en bol bulunan dinükleotit motifi olduğu Tablo 7 ve Grafik 1'de görülmektedir. En sık görülen trinükleotit motifleri ise 71 tekrarla GAA/TTC olmuştur.

4.2.2. Markör Dizaynı

GMATA programıyla yapılan markör dizaynı sonunda 1372 adet markör geliştirilmiştir. Dizayn edilen markörlerin primer sekansları Tablo 8'de verilmiştir.

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları.

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK1	TGGACGACCTTCTTGACCTC	CGCAAAGTGAGAAACCCATT	>MK687	ACCAAGCCCACAGCTACAAA	TGCTCTTCTGCTTCGGAAAT
>MK2	CCACCACCACCCTCTTCTTA	GTTGGAGCACAGAGCACAGA	>MK688	AAAACCCGACCTTTCAGTCC	TCGCTGAATACTTTACCAGACA AC
>MK3	CAACCCACAAAACCCACTCT	GACCCCTTCGCTTCTCTTTC	>MK689	CAAACAACCCCTCTCTCTGC	TCGCTGGATAACCCAACAAG
>MK4	ACTCTCAAATCCGCGTTCAC	GTTGTCCTCCGTCACCATTT	>MK690	CCGCTAAAGCTCCCTTTCACA	GGAAAGTTGGCCACTGAGAT
>MK5	GGGAAGTTTAAAAGCCAGAA	GGAATCCCAACCAACACAAC	>MK691	TAGCTTGGTGGTGTGTGAGC	AAGGGAGCTGAGCCAATTTT
>MK6	CAGAGCTGATAGGCCACACA	GAGAGCGGTTCGGAGACTATG	>MK692	AATTGGCTCAGCTCCCTTTA	AGCCCAAATGGAAAGAACA
>MK7	CTGCCAAGCCTCAAACCTTA	GAGAGCGGTTCGGAGACTATG	>MK693	TTGGGGCCAATTTCTTAGC	TGGGTTTGTTTTGTGGAAGA
>MK8	CGGTAACCTACACGGTTTCCAA	CAGCCAAGAATCCAACAACA	>MK694	TCCCTTTTCATCCCAACACT	GCAAAACTGGGTTCTTGAGG
>MK9	CCTTCAACGCCCGTATTTT	CAGAGGTTCTTTGGGTGCTC	>MK695	AATTGTTCTGCCCTGGAAAA	ATCGGATGCAAGGAATGTGT
>MK10	CCCCAAACACCCTACTCACT	TTCTGTTTGCAATCGCTTTG	>MK696	CCCCTATGACCACTCAACCA	AAGGGCTGGCGATATTTCTT
>MK11	CAGCCACTCCCTCTAACCTG	GAGGAGGAGGTGGAAAAATGG	>MK697	AGGCAGAAGCAAGGTGAAGA	TCCAATCGACCGTGTGTAA
>MK12	CACCTCCTCCTCCACCACTA	GTGTGAGCCTTTTCACAGCA	>MK698	GGCTGCTGAAGTTACATGCTT	CACCTCCACACACCCTCTCT
>MK13	CCATCTGTCTCCCTGCATTT	GCTCATGTTATCAACCAAGATG AC	>MK699	TGGTGCAGAAAGTGTCCAAC	ACTTAAGGCAGCTGGTGGTG
>MK14	GGGAACACACACAACCACAC	TTCAGGCAACTTCTCCAACA	>MK700	CCCCTACCTTGTTCACTTGC	ACAGTCCCTTCCCTCTCCTC
>MK15	CCCTTGATTGGTTTCAGTCG	TACTAGCCCGCCAAAGAAAA	>MK701	AAGTCTCGGCTGCTGAAGTTA	CCAACAAGAATGTCCCTCAA
>MK16	TCGCCACTACACAGTTTTGC	CAACAAAAGCAAACCAACCA	>MK702	AGCGCTTGTGGGTAGAAGA	GAACCTCGGCATCACAGATCA
>MK17	CGAAGAGGCAGACCAAGATG	TGAAGCACAAGCAGTGGAAC	>MK703	CAGTGATGCTTGGGGAAAAT	AACGGCAATTTGAAAACGAG
>MK18	CACGATGACGAGGAGGCTA	GGTCAGTCCCAACACATCG	>MK704	TCTCCCTCCCATGCATACTT	CAGGGATGGTGAGGTTTCTT
>MK19	ACATGGGACAAATCGCTACA	CAACCACATGCCAATGAAGA	>MK705	CAATTCAACGTGGCCTATCA	GGGATTATGACGGATGGAGA
>MK20	GCCACCAAAGCGATCTTAAC	GCCTTCAACATGCTCAAATTC	>MK706	GTCTCAAAGCCGCAGTAA	ATGGGGTTGTGATGAGAGGA
>MK21	CATTGCCACTGATCACAACC	GAGGGACCATGAATGGAGAA	>MK707	CAGGCACAGCAAGGAAGAAT	CAAACAATCAAACCCAGAAGC
>MK22	ATCATGGCCTAGGGAAAGGA	ATGTGGTGGGAGAGAGATGG	>MK708	AAATCTCCCAATCCCTCACC	CTGTGGAAGACCCGTTTGTT
>MK23	CCTTCTGCCTGCAAAACAAT	TTTGGGGAGAGCAGGTTATG	>MK709	TGCACCACAGCTAACTCCAC	CCCCTCTTTGATCTCCTTCC
>MK24	TCATGACAAACGCACATGAA	GTGCTGAGGGTGTCAAAT	>MK710	TCCATTCTCCCAAACCAAC	GCCATGCATATGGACAATCA
>MK25	TCATTTCGTAGTTCGCACCAA	TGCTAAGAGGGGACTGGAAGC	>MK711	CGAACCCACATTCACAGATG	ATGAGCTTGAAGGAGCCGTA
>MK26	CGCTTCAAGATTCCCCAGTA	AAAGGATACCCAGGGGTCAG	>MK712	CCCTTTGACCACCAACCAG	AAGGGCTGGCATATTTCTT
>MK27	TGCTTCTGTGTGAGGGTTTG	TGAACCTTGCTTCCCCTTCAT	>MK713	CGGCCCTATCTCTCTCAC	GGACCCGGCTCAAAGATGT
>MK28	TTGAAGCTCCTCCTCATCGT	AACCCAAAACACACACACA	>MK714	CAACTTCTCATTGCCCTTT	GCCTAGGAGCAGGTGGAGTA
>MK29	GGTTGGTTCAGTCGGTATGG	TCACATTTTGACACTGCAACC	>MK715	GAGTGATGCTCAAGAAAATCTCC	TGCCTCTTCTTCTTGTGTG
>MK30	GCTGCAAGAACTTGAATTGG	GCTAGTTTGCCGATGGAAG	>MK716	CGTTCAGACTTCCGTGTTCC	TGGCCATTGATAGGATAGGC
>MK31	CGCTGTCTCCACCACAATAC	AAGAGGAAGTGAGTTTCTGGAC A	>MK717	CAAACGCACAGACACAGCTT	TGGCCATTGATAGGATAGGC

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK32	CGACCCTCTCTAGATTTAGTT GGA	CTGGATTTTCCTCCTCGTCA	>MK718	GCAGTCAGAGAGCTGGCATA	AAATGATGGGTTTGGTTGGA
>MK33	TTTTGTTTGGCCTCAAAAGG	ACTTTCCCACAAGAGCCAGA	>MK719	TCATTTCTTCTCCGCCACT	CTAGATCACAGCACGCGAAA
>MK34	TCTCATCTGGGTCTTTTCG	CCGAATTGGGTAGGCATAAA	>MK720	ATTTAGCCGTGTGCTTTTGG	CCATTTTCGGCAGATAGCTC
>MK35	CCTTTGCTTTCCCTTTCTCC	GGGTTTCATCCATGCTGACT	>MK721	GCTCTCTCAGACCCACA	CCTCCTCCATTGTTGTTGCT
>MK36	TTTGCAGGTTTTGGATACGG	CGTGTGTCCTCACCTTGAA	>MK722	AGAGAGCGCGAAGAGAACTG	CACTGCGCCAACAATAATG
>MK37	GCAAATCCACTCAGCACTCA	AGCGGAACAAGAACCCTGAAA	>MK723	CAATTGATTCTGGGGTGGAA	TAACAAGGGCTGGCGATATT
>MK38	CAACAACACGGCTAGGGTTT	CGTGCAGCATTAGCAGTAG	>MK724	TTTAGCCAAGGCAGTCAGTT	TTCCATGGGGATCATTATAG
>MK39	GTCCAAGTCAATTGCCACCT	GCACATCTCTTTGCTTGTGG	>MK725	GCATTCTTCTCCTCCATCTCC	TTCGATTGCGTTCAGAAGTG
>MK40	TTCACCATCGCTCTCTTGTG	CCAGCATAGGACGACGAGTA	>MK726	AGCCTTGGGATTTAGCTGGT	GCCTGTGATTTTCCAGAAGC
>MK41	AAAATTCGGTGCCTTTGATG	TCATCCTCCTCCTCATCCTC	>MK727	CAACTCAACCACTGCTCCAA	AACAAATCGACCCAGATCCA
>MK42	TGCAGGGAGGAACTACTTCTG	CAATTTGGAGGCAGTTGGAT	>MK728	GGGCACCAATAGTAGTGAGAGAA	TACCATTGGACGATATTGC
>MK43	CAGGTTTGCAGGTTTTGGAT	TTTTAGAAGGGCAGGAGCAA	>MK729	TTGTCCTCTCTCATTTGTCC	AGGCCTCATTTTGATTATG
>MK44	TCTCTACTCTCTCCCTGTG	GCAATGGCGAATTTGTTTCT	>MK730	TTCAGTACCAGAACCACAAAA	CGTTCCTTTGCCTCATCATT
>MK45	GCCAACCAGAACTCTTGGA	TTGTAGCGTGTGTCCTACC	>MK731	CTCCAAAAACCCAAAAGCAAA	GGTGGCAGCCTCAATATCAC
>MK46	TCCTGGTGCATTACAGAGAAA	TATCGCGTGTGCTTACCT	>MK732	GCTGCAGACAAAGAAGGTGA	AAAGGGGAGAAAGGAAGCTG
>MK47	CCATTGGAGACGTTGGAGAT	TGGTAAGACAGCCACCACAA	>MK733	GCTCGTGGTGTGGTGATTA	CTTCTAAAGCCAAGCCAAA
>MK48	AGGCTAATGACGGTCTTCTCA	GTTGATTAACGCTCCGCACT	>MK734	TTCCGTACGTTCTGTGTGT	TGGATGGATATGCGAGACAA
>MK49	GTGCTGAGGGTTGCTCAAAT	GCATTATGACAAAACGCACA	>MK735	TGGGGATTAGAGCATTTGAGA	GTTTCACTACCGGCAAGAA
>MK50	CAAATTCAGCTCCCAAGAA	TGGATCAACGGATCTCACAA	>MK736	CATGAATTGGCGTTGCTTTT	GAAAATGCATGCTGTTGGAA
>MK51	GGCCAAACCTTTCTTTTCT	TATTGGAGCCGTTGGAGTGT	>MK737	AGCTGCAAAAACCTTCCTCAA	AGCCAAGCCAACCAAGTTA
>MK52	TTGATGCCTCTGATCCAGATT	ACCATAATGCGTGGTTCCAT	>MK738	TTTCCCCGTACTTGGGTTG	ATGGCAGAGGGAAAAACAGAC
>MK53	CTGACATTGCCAACCAGAGA	TTGTAGCGTGTGTCCTACC	>MK739	CCACCGCCATATCTCTTCTC	GAAGCAATGGGAAAAGTTGGA
>MK54	CCAAGTCGCCCACAAGATTA	GTCACAGAGCCGCTGGTTAT	>MK740	CTACAAGCCCGCATCGTACT	CACTGAGCTTGTTCATCCA
>MK55	GCATCACCAGCCAAAGAAAT	TGGGGAAAAAGTTGTTGGGTA	>MK741	CCAAGAAATCCGTGTCTCCA	GGCAGAGAGCAAAGGAATTG
>MK56	TTTCTGTCCCCACACAACC	AAACAGCAACAAGGAAGACAGA	>MK742	TTGGCACCCCATCTAACAAC	TGGGAAATATGGTGCAAGTG
>MK57	CTTGGACTCTGGAGCGGATA	GATTGCAGAGGCGTTACGAT	>MK743	AGACTGGGATTGCATCAAGG	CGTACCCGCTACTCTCGAAC
>MK58	GCGTGTCTGTCAAATTCCAA	GGCTTTACCGAAAGGGAAGA	>MK744	GTGGTCTCTCCCAAGAA	GCGGGGCAATATTTGAGTAA
>MK59	AGGAAGAGGTTGATGCTCCA	GCAAGGCAAAGTGTCTTCC	>MK745	AACCCCAACTCCCTCTTTT	CTGGATTAGTGGAAAGGAA
>MK60	GCGTGTCTGTCAAATTCCAA	ACCGAAAGGGAAGAATGATG	>MK746	AAGCCCCAATCTCATTTTCAT	TCCCCTTAGGAACCCAAGAT
>MK61	GCCGAAGAACCATCATTCT	TGGTCATATGGGTCGGACTT	>MK747	GACCATACCAACCCCTCGTA	GCTAGGGAGTGGGACATTGA
>MK62	TTGGCTCTTTCCCAATTTCA	GGTGAGCGGCAAAAAGAATTA	>MK748	CCACAGTCTGCATCGCTAAA	GAAGAGAGGGGAGCGAGAAT
>MK63	TGGAGCTACGCACTCAACAC	AGGGGAGAGAGGGAGAGAGA	>MK749	GATCCAGTTGCATCCACTCA	CTGCTGAACTCCACCTACA
>MK64	TGGATCAGACAGCCATCATT	GGGAGGTGTAGGTGGGTGTA	>MK750	ATGCCATTGCAGTCTCTCT	CTGAAACCCGTCCTGTTGTT

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK65	AGTCCATGTCGGAGGATGAG	GATGACTCTCAGCCCAACAAA	>MK751	AATTTTCGGCTGTTGAGATCC	ATCCCAGCAAAGTGCTCAAG
>MK66	AAGATCCCAACAGCGACATC	ATCCACGGGGACTTGTGTA	>MK752	CATTCCGCATACTTGTCCA	CACAGCCAATTCACCTCTGA
>MK67	CTCTCGTCTCCGTCTTCACC	GACAGCTCAGACCAAGCACA	>MK753	CGAACTGCTGAAGGAAGGAC	TCCCCACACAAAATGAGACA
>MK68	TGCCAATTTCTTTGTGTTGC	AATCAGACCAAGCCGAAGT	>MK754	ATTATGCAACTCGGCAGCTT	AAGGCTGCATCGAACACTTT
>MK69	TTTCATCAGCCTCAGCCTCT	CACCCATTTGAGCTGCTTTT	>MK755	ACAGACAAGCAGCAATGCAC	CAACGGTGAGTGACCACAAA
>MK70	GGGGAGTGTTTTAAGGTGGA	GGGGAATCTCCATCTCCCTA	>MK756	GGAGGAGGCTCACCTACCAT	GAGGAAACGAAACCAAGCA
>MK71	AGCTCGCGTGCAAAGAATAA	GGGGAATCTCCATCTCCCTA	>MK757	CGAGCACTTCAAATCTTCGAG	TCTTCCCTCTCACCATGTCC
>MK72	GACCAAAGTCGCAGAAAACC	TTTAGGAGAAAACAACGGAAGC	>MK758	GCTCGAGATCACCTCTCTCC	GGGTGGATGGGTAGCTTTCT
>MK73	TGATGTGGACTGCCTTACCA	ACAAGCTCAGTTTCGCGAGT	>MK759	AAGCACAAAATGGAGGGATG	CCATCATGACGACGAGGATA
>MK74	GCAGCCTTTCAGGGTAATGA	GGGAGGTAACCTTTCAAGC	>MK760	GGGAGAAGATCATTGGGACA	GGAATGATTTGTGGGACTGAA
>MK75	AACGGAAGCAAGGACAAGAA	TCAAGTGGAGGAAACCAACC	>MK761	TCCATGTGAGAAGCTGATGG	GCATTGGATTGGTCATCTTTC
>MK76	ATTCATGCCAACAAATGCAGA	TTGTCATACCCTGCCCTAC	>MK762	CAGTGGCGCTAAAAGGAAAA	CTCGCAAGGACCATTCTCTC
>MK77	CAAAACTTGTAAATCCGCCCTA	GTGATCGGTCTGCCAATTCT	>MK763	GGGCTTCTGACAGTCCATTT	TTGACCAGGTGGTGACGATA
>MK78	ACATATTGGAAGCGGTGGAG	ATGAGAACCAGAGGCAGAGG	>MK764	TGTGCAGATAGTCATCCCAT	CCACCAGTTCACCATGATT
>MK79	CCCATTCTTCGTTTGACCAC	CAGAGAGAGAGGGTTGGACTG	>MK765	TGTGTGGAACACCAACACCT	TGGACTCGTTGCATTACAGAG
>MK80	TGTTCTCCTTCGCCATCTCT	AGGGAGGTGTTGGATGTCTG	>MK766	TCAATCAACCTCTGGGGACT	CTCACCCCTTGGACAAAGAT
>MK81	CCCTGTCGCTCTCTAACTTCA	TGTCCATGCAAATCCAACAT	>MK767	TGCTCAGACATGCTCTCTCT	AGCTGCAAAATCCGAGCTAA
>MK82	CATGTTGGATTGTCATGGAC	CATGGATTGCTTGTCTGAGC	>MK768	TTGCGAAGTACAGTGCAACA	CCCTCCTCCCTTCAAAT
>MK83	TTGCTCAGACAAGCAATCCA	GGCAGAAGCACAGAAACACA	>MK769	TGGCAAGCTAGAGAGAGAGAGA	TTTAAAGCCACGCGAGAAAG
				A	
>MK84	GGAAGGCTCCCGATAAAGAC	GGTTGCGAGGGATGAGATTA	>MK770	GGGCTTCATCGTATGTTTGC	AGGAGATTTTGGGGTTTGGT
>MK85	ACAACAGCAACAGCAACAGC	GAAGAGAGAGGAGCCCAAT	>MK771	CCATCTCAATCTCCCTCCAA	ACTTGCCCATGAAACAACC
>MK86	CACACCAACCCACTCTCTCA	CGAAGAGGTTGAAGGCAGAG	>MK772	GACAGAGACAGAGACAGAGAGA	GAGAGGTAGTTGACGACCAAG
				CAA	TG
>MK87	GAGACGAACACATGCCCTTC	CAATCTTCAAATTCGAGAG	>MK773	GCAAAGTTTTGATGGTTTCG	TGCAGGTCACAGAGAGAGAGA
				G	
>MK88	GGTCGGTGTTACCTCTCCAA	TTTACATGGAGGCCTTGCTC	>MK774	TGCAACTTTGCTCTGCACTT	CACATCAACAAACCCAGCAT
>MK89	CTCTATCTGCCTGCCACACC	CACATCTCATCCTTGCTCA	>MK775	ATCAGCCAAATGTTGGGTTT	GGTGATGGTGGCCAATTAGT
>MK90	ACCCATTAACCCCAAAGTC	CCAGTCCAGAGCCATTACT	>MK776	AAAGCCCAAATCTCCAAGT	GGAAAGAGGGCGGAAGAGAG
>MK91	TCAGATGTGCTATGCCAAA	GCCAAAGTAATTTATGCACCTGA	>MK777	TAAAGCGGTGTGTTCTGCAA	TTCCAAC TAGGAGCAAGCA
>MK92	GCCAAAGGAATCAGGAGTCA	AACGACAATTGGTGGCTTTC	>MK778	CCCCGCTTCTATATAAACTCTTGT	CATGTCCTCCGAGTCATCAA
>MK93	AGAAACCCAGTGGCACAATC	GATGGAAGGAGGAGGAGCTG	>MK779	TGATCATGCAACCGTCTTCT	GAGCGGACCAAAAGTGGTAA
>MK94	TGGTAAATGCGTTGGAGAAA	AAAAGCATCTCAGCCTCAA	>MK780	AAAAGCTCGGAAAACCCACT	GGTACCATCAAGCTCCTCCA
>MK95	GGGCCAATAACACTGCTCTC	GCTCATGTTACCAACCAAGATG	>MK781	TGCGTCACTGTCTGGAGTTG	CAGGGTAGCCATCTTTTGGGA
>MK96	ACTGAGCAAGAGCCAAGAGC	GCCGTGCAGAACAATTTACA	>MK782	TCTGTCTGCGTCATCTTCCA	CAGTGGTGAGCGAAGTAGCA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK97	CGTCCTTAAATAGCGACTCGT G	TTGTGGAAAATTGGGAGTGA	>MK783	AAACCAGAGGAACCCAGACA	GGTTCAGATGGGGAGTTTCA
>MK98	TTGTGGTCTCACGAGGATGT	TCGTCGAGGCAACTTTATCA	>MK784	TCGCCCTTTCTCTCACTAGG	AGACAAAAGAAGGCGCTGAC
>MK99	GAAAAGTCAAGTGGCCAAGG	CCGTTGTTGGATAGCATGTG	>MK785	AAAGTCAGCGCCTTCTTTTG	GTGCTGTTGTTGCTGTTGGT
>MK100	CATCTAAAGCTCCATGCTCCA	TGGCCAAAGGGAAAATATCA	>MK786	CACCACCACCAATCTCTCT	GGCTCTCAGCTGGTACTTGG
>MK101	CAGACAGGGGTACTTATAGCT AGG	TAAACTCTCGCACACCAGCA	>MK787	GTCGACGAAGACCCTGTTGT	CCTCCAAACCCACAAAGAAA
>MK102	CTCACGAACCCAACACCTCT	ACCAACGCTTCCACTATTCC	>MK788	TGAGCGACGATTTCTTTGTG	CCACCCATAGTTACACCCCTAA
>MK103	ACGCCGTCACACTCTACCTT	TGGGCTAAGTCTTCGTTGCT	>MK789	GCCACAGAGCAAGTCACAAG	CACCAAGTGCTTGACCAGAAT
>MK104	GCTGCTGAAGCAAACCTCAAG	GAATTCCTTGCCAGTCAAA	>MK790	CCATCAACCGATCATCTTCC	TTTTACCGGGATGCTTTGTC
>MK105	CCTTCTCACAACACCAGCA	GCAGGCGAAGACTACGGTTA	>MK791	GAGAGAGCAACAGCCATTGAG	GTGCAGAGGGTGTTCATCA
>MK106	CAGCTCACTCCCTCACTTCC	TGTTGGGTGTTGTTGTTGCT	>MK792	ACAACCCCAAAACCATGAAA	CAGACCATGAACACCAACG
>MK107	TGCTAGTGGAGGGGAAGAGA	GAGGGAGGGAGAATCAGGAC	>MK793	GCCATCGGCTGAATGTTAAT	GCAAGAAAATGCTTCTCCTATA CC
>MK108	GTGGACGCGGTACCTGATTA	CGGCGCCATGTCTATTTATT	>MK794	TTGTTTCTTGAGGGATTG	TCTCAGGGATGATGTGGTCA
>MK109	GAGAAAGCAGCGGATGTAGC	CCATTTTGCCATCTTCGTTT	>MK795	AGAGACACAGGGATTGTCAGC	TGATGAAGTGGGTCTGGATG
>MK110	AACTAAACTCTGGCGCGAAC	ACTCCATGAGACCTGCGAAT	>MK796	TTTGCTGGCTTTTCTTCGTT	GGACGATTTGCATGGGATTA
>MK111	ACGCACTCTCCTTCTCTCCA	TCCGGTGAAGTTGTGTGTTCA	>MK797	TCTTCTCCGACTGCCTCATT	GGCTCCGTAGGAGGGAAATA
>MK112	GCCCAACAATGTGCAAGTTA	GAGTGGGTGTGGATCGTCTT	>MK798	CCATTCCCAACCGTTTA	GCGGGTCTGTGAAGAAGAAG
>MK113	TTTCCACTCTTTCCCGCTAA	TCCTCCCAACCAATATCAA	>MK799	AGTCCTCCTCCCAACGTCTC	ATCCCTTGAAACACAATGC
>MK114	GTCGTCTGTTCCCTGCCTTTC	CTACCCACGAACCCGTAAGA	>MK800	GAAAGTTCGAGTCCCATGA	TTCATCAAGCACAGCAGGTT
>MK115	ATGCCCTTCTCTCCGATTTT	CATTGTCAACCATCTCCATCG	>MK801	AACATGTCCAATGGTTCATCAG	TCCCCACAAGTACAGAAAA
>MK116	AAGGCCAATACCAGACCGTA	TCGAATGGAGATGGTGTGAA	>MK802	CGGCAACTTGGAAGTCAAAT	CCTCCTCCAAATTCCATTCA
>MK117	CACTGCTCCATCCACATCAC	CATCTTGGCAAACATTGATCC	>MK803	TCCCATCCTCTCTCTCTCTTT	GCCATCAAATCCATCGACAT
>MK118	GCTCCATCCACATCACCTCT	CATCTTGGCAAACATTGATCC	>MK804	TTTTGCAGGAGGATCAGG	AGCAATTTGAAAGGGTGAGG
>MK119	CCTTGGTAGCTGCCTCCTCT	TGGGATGCAGACAAAGTTGA	>MK805	ACCCACCACCTCTCTCTCT	GGTGGTTTTATGGGAAAGGTT
>MK120	CCAGCAACCCAGAAATCCTA	TGAAAGCAATCAGCATCAGC	>MK806	CCACTTCACTCTCCGACCAG	GAGGAAAAGGCTAAGCGTGA
>MK121	CATCGAGGCTTCATCCTTCT	AAGAGGGCAGGTCCAATTTT	>MK807	CTCACGGTCTATACCT	GGAGGCTGAGAATGGAAACCT
>MK122	GCATTTTGCACATCAACCAC	TGGGCATTTCATATGACAC	>MK808	AAATTCGGTGAATGGTGCTC	GGCTCAGTGGGATCAATTT
>MK123	CCTCATCACATGGACGACTG	CTCCTTCTTCTCCACCTCCA	>MK809	TGTTCCCATCTCTGCCTTC	CCACTCGCATCTCTTCTTCC
>MK124	TTGTGGGAGGAGGGTACTTG	CACCATCGCATTTTGTGTTGT	>MK810	TCTCTTTTACGGATGAGCA	TCGTGACCTCCATCTTGTG
>MK125	AATGTGCTTGAAGGGGAAA	TGAGCACACATGAGAAACACA	>MK811	AAGGAGGCAGAGGAGGTAGC	GCAGAACACAAAGTGGCTCA
>MK126	CAGCTGAGAACCAAACGTCA	TCCAAATCCACCCTCTCCTA	>MK812	GAGAGGGTGGAGAGTGTGG	AATGTGGTGTGGGCTTTTC
>MK127	AGCTCATGGAGAGCTTGGAG	TCCTCACCGTCAACATCAAC	>MK813	GGATGACCCATGGCAGTAAG	TGTTGCCTGTTTGGTATCCT
>MK128	ATAGCGACCAACCACAATCC	GCGTTTCGTACGGTAGCACT	>MK814	TTTCCAAAAGTGAGGAATGG	GGTTTAGCCCTGTGGAAACA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK129	GTGGCTGCGAACAGACAGTA	TCGGTGGCAAATGTCATAAA	>MK815	TTCAAAACGACATTGCTTCG	CGGTTGTGGTTGAGTGTAGG
>MK130	TCACCCGGTCGTGTTATGTA	ACCCAGAAGAGGAAATGGAA	>MK816	TATCTGCCAACGGGTCTAA	TCGCTGCATTTATCAAAGGAC
>MK131	GAGGGAAGGGTTTCTCTGCT	TTCTTTCTTGGCTCCTCCTG	>MK817	AACAAAGACCACGCCATTA	TGTCAGTCAGCAGCGGTAAG
>MK132	TGGCACCTCGCTATATCTT	CAAGAGGAAAACCAAAGCAA	>MK818	GCCATTTTGATATGTGCTATGC	GGATCCCTCAATGGAAGCTC
>MK133	TCGTGGTGTGATAAGAATCC	GTGGGGATAAAACCACCACA	>MK819	CACAATTGGATGTCGAAACG	AGCACAGGCAAACAAACAAA
	A				
>MK134	CCCAGCAGTGAACAGAACAA	AAAAGCATCAAAGCCTCCAG	>MK820	GTGTGCTCCCCTGTTTCATC	GCAGGAAGACCAAACGAAG
>MK135	CAGGGAAATTGGGACCATCT	GAGCAAGCACCAATCTGTGA	>MK821	TTCCTCAGTTCCATCCCTGT	CCCACAAATCCACACTAGCC
>MK136	GGCTTCCACCTTGTTTATGC	CATGGGACAGAAGAAAATCCA	>MK822	GTTTTCGTTCGCATTTAGCA	TTCGCACATTTTCTCAGCAC
>MK137	ATTTTCACACGCTTCGCTTT	TCAGGCAATCAGTCTCCACA	>MK823	GGTCATGGAGGGACATCATC	GGCTCTGATCACCAGCAACT
>MK138	CCTCGCTCTCTCCTCATCTC	TCAGGCAATCAGTCTCCACA	>MK824	GCAACAGATGCAAATGGAGA	CTTCTCAGCCCTAGCCTCCT
>MK139	CTCACAAAACCGGAGGAAAA	GGTGGTGGTCAAGAGGAGAA	>MK825	TGGCTGAAGAAGCTAAAACG	TCAATACCCACCTGCAGACA
>MK140	CATGGGCTAGGCTTGTTGAC	CCATATTGCACCCTTGACTCT	>MK826	ACGCTTCTGGGAAAGAGACA	TGGAAGGGAGGAGTGAGAGA
>MK141	TGTGTGCCAATTCAGCACTT	TGCCTGCCAAACTATCAACA	>MK827	AGGCTGAGCTGAGAGACAG	GTCTGTGTTTGGGGTTGCTT
>MK142	TGGAAAGCAAAGCTAGACC	TTTGAATGGAGCGTTGTGAA	>MK828	AAGCAACCCCAAACACAGAC	CACAAAGCAAAGCAAAGCAG
	A				
>MK143	GCTGAGCCTAAAATGGAACG	CTTCGATCCACGCTCTCTCT	>MK829	AAACTTGATAGTGGTGTCTCTCT	GAGGCATAAGCTTTTCGGACT
				C	
>MK144	GCCGAGAGGTCAGAGAGAGA	TTCCTTGCCAGATGATTCAG	>MK830	ATTCACGCTCCCAAACAAAA	AGCGGTCTCGTTCAGATTTT
>MK145	CGCCAAAACAAGAGAGAGT	TCTTTCCTTTGCTTGCTTCC	>MK831	CGGCCTAAGCTATGTCGAGT	ATCCAAATCCCAAAGGGAAG
>MK146	TTTGGGTTATTGGAGAAGCA	AGCTCCTCTGGAGGTGGACT	>MK832	GTCAATGAAGCAGACGACGA	TCGTTGTGGTTCATGGTGAGT
>MK147	TCTTTGCGCTTGCTATCTT	CGAGCAGACCCTTAGTATTGC	>MK833	ACTCACCATGACCACAACGA	CAACGGGAACATTAGGTGGT
>MK148	TCTGAACTCGGGCGATTACT	GATCCTCCTCGACCATCAAAA	>MK834	TAGTAACCAAAGGGCGAGGA	ACTTCAAGGCCACCAATGAG
>MK149	ACGGCGGTGTTTAGTACCAG	GAGGACTGAGCTTCGATTGC	>MK835	GGGAAAAGGTGAAGGAAGAG	GCAGAGCCACCACCACTACT
>MK150	TGAGTGAAGTGAACGAGCAAA	TGAATTTTGGGCTCTTCCAC	>MK836	GATGCGTGAAGTGAGCAAAA	GAGAGTTGCGAGGGTGTAGC
	G				
>MK151	ATCATTGGCTTGGCTTCAAC	CCATTGCCATTGTAGTGGTG	>MK837	GAAGCCAGAAGGTCAAGTGC	AATTGAGATGGTTGCGGAAG
>MK152	ATGCGTCTTGCTTCCCTCTGT	GGAAATCAGGCTGTTGGTGT	>MK838	TCAAGTCGTGGTGTTC AAGC	CTGGACCCAATGTTCTCGTT
>MK153	CCCCTCCTCCTTAACCTCTC	TGTGCTTCTGTGCTTCCAAC	>MK839	GCTCTCTCAGCTCCAGCA	AGAGAGGGGCGCATAGAAA
>MK154	ATATCCCAAAGGACCCAACC	TGCATACGAGTCCCAAAAACA	>MK840	GAGCCTCTTGGTGTGCTTTT	TCTCAAAACAAGCCCTGCTG
>MK155	GGCCATTAGAGACGTT CAGG	ACCAAAAACCCATGTCGTAA	>MK841	TTTTGTCCACGTCGTCAGTC	TTGCAGAGTTGGGACAAGC
>MK156	AGCACAACCCCAAGATAACG	TCGATCTGGATCTGGGTCTC	>MK842	TCCCGCCAAACATTTTACTC	AGCTCTTGGGCCGATTTATT
>MK157	GTTGGAAGCACAGAAGCACA	CCTGACGTCCTCATTTCGTT	>MK843	CATTATCCGACCCAAGTGCT	AAGGACCGCAGTGCATAGAG
>MK158	ACCCAGCAGCTCAGAATTA	ATGGAGATCCCAACAGTTG	>MK844	TTCTCTCCTTCCCTTCTCC	CTGGTTCGGTATTGGATTGG
>MK159	TGTGATGCTCAGATGGGAAA	AACGTTGTTGAGGCCAATCT	>MK845	GACCAGTAAGGGCCAGATGA	TGGAATGCTCCAAGCCTAGT

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK160	GGACCTGTGGATGCTAGGTG	AGTCGCAGTCCCAGTCAAAG	>MK846	CGCAAACCTCGCATAGAATCA	TGCATCCAAAGACTGCAAAC
>MK161	CTTTGACTGGGACTGCGACT	TGCAAACACACACGCTTCTT	>MK847	GGAGAGCCAGTCTTTTCTT	GGTTGGACACGCGTATAGGT
>MK162	GACGATTTGGCTAGGGATGA	GTCTCGTCCAATCCCCTTT	>MK848	TGCGATACGTGACCATCTTC	GTGCTGGGGTCTTCATCTGT
>MK163	GTGCTGGGCTGATACAGCTA	TCTCAATGAAAATGCAGAGAGC	>MK849	CCTCCATTACAGAAACAAAGGA	AGTGGACACAGGGATTGCTC
>MK164	GTGCTGGGCTGATACAGCTA	CAAACCTGGCTCTGATACCAT	>MK850	AGCAATCCCCTGTGTCCACTC	AGTGAGTGTGGTGCTGTGAAA
>MK165	GTGCTGGGCTGATACAGCTA	CGCATAAATCCCCTTCAAAA	>MK851	TTGTTGGAGGACCAAGAAGC	GACGAAGCCAAGGTGGTCTA
>MK166	ATACTCCAACGCCACTTTG	AAGCTTCGCTTCGTCTGTGT	>MK852	CCAGGAAGGCAACAGGTAGT	GCACCACAGCAGGTTGAATA
>MK167	AACACACAGACGAAGCGAAG	CCCCAACAGAAGAAGAACG	>MK853	TGAAGTGTCTTTTATCCCTTTG	GCAAAAATAATAGGGCTCCACA
>MK168	CAAAGCTCCAATCCTCCAAA	AAGCACCCAAAACCAATTA	>MK854	AACAAAATCGCCGCCTAAT	ACTTCCCAAGTCGCAGACAG
>MK169	AACCACCTCCTCCTCAACT	GTGGGAAATCTTGGGGAAC	>MK855	AAGTCGAGTCTCTGTGTGTGC	CTCTGGCCATGAACACTTGA
>MK170	TGACGACCAAATATTTCAGCA	GTCTGCAGCTCTTCCCACAT	>MK856	TTTAAAAGCCAAACGCCAAC	GTCGGGTCCGGTCAGTGTTAT
	C				
>MK171	TGCCTGGCCTTGAGTATTTT	CAATGTGTCAATGGAACCAA	>MK857	CAAAATACGCCCCAAAGAAA	TTTGCAATTGTCGCTGTCAT
>MK172	GATTGATTCGTGATTGGTTC	TGGTGCATGGCTTATGGTTA	>MK858	CGCGCTCTCTCAAATCAAA	TCAACACCCCAAAATTCCAT
	C				
>MK173	TAACCATAAGCCATGCACCA	CCCCACAATAAGCTGAGGAT	>MK859	CGCGCTCTCTGTCTCTCT	CGGTATCTGCAATCCCATCT
>MK174	AGGTTTTAACAAAGCCGAGCA	TGCCTCAAAGCTGCAATATG	>MK860	ACCTCGTGCTTCCTTCGTTA	TTTCGCGAGCTAGAGGAGAG
>MK175	TCTGTTATCCAACGGCCTTC	GAAATTCTGCTGGGACTGGA	>MK861	AGCTTAGGGAGGGGCAAAAC	TTTCGCGAGCTAGAGGAGAG
>MK176	TGGGGTAGGCAGCAAAATTA	TAACCTCGTCAGTGCCTTTG	>MK862	GCCGTCATCACAGGTAACAA	CCTCAGCTCAATCTGCTCAA
>MK177	TGTGATGGAATGGAATGGAA	ACCAAAAGCAAAACAGCAA	>MK863	GGCTTTGTTTCCTTCCACCT	GAAAGTCCCAGAACCTGAACA
>MK178	CGTTTGATTTGAACCGTCTT	CTGAAGAAGCAGGCGTGGT	>MK864	TTGGCTCTGTCTCTCACCT	TCGTCTAGGGTTTATGCAA
>MK179	AGAGCATCAATGCCGAAGAC	AAGAGGAGCGTGTGGAAGAA	>MK865	GGAGAGATTTCAAGAGCCAAAA	TCTCCTTGAAGAGGAAGGA
>MK180	CAGCTTCAACAAACCCAGAA	AACAGAGACCCAGAAACCAAAA	>MK866	TGTGTGTGTGTGTGTGTGA	TCTCCTTGAAGAGGAAGGA
>MK181	CCGCTACTGTCTTCCCTCAC	CCCGTTATTGTTGAGCCTA	>MK867	AATCGAGGCCACCACAAGTA	GGGGAGGAACCTTTGATGAGA
>MK182	TTTGATGGCCTTTACAGAAGC	CTCAAAAGTTGTGGAATCATGG	>MK868	GCAGAGGAGAGTTGGCATT	AGAGTGGGCCCTACAAAGGT
>MK183	TTTGATGGCCTTTACAGAAGC	GAGATTCGGACCAGCCAATA	>MK869	GGGGCTAGTAGAGGGAGGTG	AGCTTGCACGCAGAGAAAAGT
>MK184	ACCTCGACATGCTTTTGGAC	AGACGGGTGGGGAGTAGTTT	>MK870	TTGGGCTTGCTTTGCTTTAT	TTTCTGGTGTGTTGTGCCA
>MK185	ACCTCGACATGCTTTTGGAC	AATGAAGGCACGGAGTGAGT	>MK871	GCCGAGGAAGGAAAGGATAG	CCAAGTGAGGAAATGGGAAA
>MK186	TCTGGTGCAGTTAATCTCATC	TGTCTCATGCAAGCTTCAAA	>MK872	GTAGTGCAAGGGGCTTGTA	CCGGCTTACAACCTTTCTGGT
	G				
>MK187	CTTGGGACGAATCAGTTGCT	TTCAGCGAGTAGCAAGGACA	>MK873	TGCAGCAACAGCAACTTCTC	CCTGGTTCATCAAGGCATCT
>MK188	TTCAGCTCCGCTTGGTTAAT	CCCACAACCAATTTGAGTCC	>MK874	CTGGCTTTCTTCTCCTCCT	AGGGTCTTGAGGGGTTGTCT
>MK189	CACCAAAAGCCCTCAAAACT	GGAAAGGTTCCCTCTTACGC	>MK875	CAAGCCAAGCCACTTCTTCT	GGCTGATAGGCTGAAACTGAA
>MK190	CAATCGTTCAAACACGCATC	CCCTTGTGGGCTCTTTTT	>MK876	AGCATAGGAGGAGGGGATGT	CAGTTTTGCAACCCCAAAAT
>MK191	TCGTCATTTTCACCAACTCG	ATGTACAAAGGGTGGGGATG	>MK877	TCTTTGATGCGCTTTGTGTC	TGAAGAAAAGGAGGGGTGAA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekanslar(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK192	GGGATGCCTAAATCATAACAG A	ATTTGGGTTCTTGGGGTTTT	>MK878	GCTCGCTGGAATTCATTCTT	AATCCCAACTCCTGCAACTG
>MK193	GAGAGCAGAAGTGGCCAGAG	ATGGGAAGCTCACCTGAAAA	>MK879	CTTGGGTTTTGGAAAGGTTG	GCAAGGAAGCCAAGGATAAG
>MK194	GGGCCTCAGGAAACACTTC	TTCCATCTCTTGGGCGTATC	>MK880	ATGGTGGTGTGGTGTTCCT	CGGAACCAAGCCAGATAAGA
>MK195	AATCCGTTTCTTGGGCTCTT	CTTCGTGCTCCTCAAATTCC	>MK881	AATCGAAAAGCAGCAAAAGC	ATGAAGCATCGGAGGAAGTG
>MK196	GGGAATCCTTCCTCATCCAT	CTTTGGTTTTGCTTGGTGGT	>MK882	GCTTCACGAACAAGCATCAA	CAGCAACGCAGAGATTAACG
>MK197	CTGGCTAAAAGGTTGGTGCT	TCAGCTTCACACAAATTCAACC	>MK883	TTCGCACCTACATCTTGACG	AGAGCCCAAACAGAGAACCA
>MK198	CGTTTGACGAAGCACAAGAG	GCCCTAGGAAGGCTAGAAGG	>MK884	GATCGGCGTAGTGGGAAATA	GGGTTGTTGGAAGAAGTGGA
>MK199	TCCTAGGGCTTCCTGCTGTA	CCTCTTTGCTCCCCACAAAT	>MK885	TTTGCTCAGGCCTTCCATAG	CATGGGACATTTGACAGGAA
>MK200	GGTTTTAATGATGCGTGTGTG	CTTTGCAGATGAAGCACCAA	>MK886	ATACACAAAAGGCCCTCCT	CCATGGCTCTCTTGTGGT
>MK201	AGTTCCCGTGAATCATGACAG	TGGGAGAGAGGAGATGAGGA	>MK887	CCACCTCTCTCTCTCTCTCT	TGCATTCCATTGCAGCTAAA
>MK202	GGGGAGGCATCAGAATCATA	GCGTACGAACCGTAGGAAAA	>MK888	AGGTGGGAGCACCAGATAAA	CACACTCAATTTGGGAAAAGG
>MK203	TGCTCCTCTCTCTCCTCCAC	ACGCAAAAGAAGCAAAAGCAA	>MK889	TGTTTCGGTCTGGAGAGAGA	CCCAGTAGCCATCTGCTTTT
>MK204	CGTTTCGTACGTACACACA	CACCAACCAAGCCATAAAT	>MK890	GCCTTTATTGCCTTGAACCA	TTTCAAAGGTACCCGGATG
>MK205	TGCCCTCAACCTTAACCAA	TTGTTTCGTTTTGGGCTACC	>MK891	ACAATGAAATCCTCGGCAAA	AAGCAACTTCAATCCCTTCG
>MK206	AGCAAACACCTCCCCTTCTT	TCACTCCCAGAAACCTCGTC	>MK892	TTTGCAATTGTCGCTGTCAT	CAAATACGCCCCAAAGAAA
>MK207	TCAAGAAAGCCTGTGGAACC	TCTGAGTGGCTGCAGAAGAA	>MK893	GAGGTGCCGCTGAGATTAAG	GCTTCAGCCGTCACATACCT
>MK208	AGGCAGAGAGCCAAACAGAA	CAAACACCCAAAGGTGCAAT	>MK894	GTTGGAACCTGGTGGGTGAG	CCTTTCTGCTCCCCTCTTCT
>MK209	AACCCATCTTCTCGCTTTT	GATCAGGTGGTCCATGCTCT	>MK895	GGGGTGGAGTGAATGGTCTT	CCACATGACAACCAAGTGAGA
>MK210	TCTCAGATACCTTGAATCTTT ACGC	TTGGTCATTACCGTGGACCT	>MK896	AACTTGCCTCTCCCTCATCA	CATCACCTGCCTCTTCATCA
>MK211	ATCAAAGTGGGTTTGTTCG	TGATGGAGTATTGGGTTTGGAA	>MK897	GCGTGTGGCTGATTGATTTT	TCTTCAGCCCCTTAGTCAACA
>MK212	TGTCCCTCTGTCTCCGTCTT	GCATCTGCTTTGGCTAGCTT	>MK898	CCAGGAAGGCAACAGGTAGT	TTGGGCTTCAAAGAGGATG
>MK213	TGGCAACAATTCCTCACAAA	GGGTGTAGCAAATGGGATTG	>MK899	TGGTGCAACAGTCAAATGCT	TTACTCTGAGGGCCCAACTG
>MK214	GCTAAGGAACACCCAACCAA	CTTTTATTCTTGC GCGCTCT	>MK900	TTGATGCAGAAGCAGCAGTT	TTACACCCATCCCCTGTCTC
>MK215	TCCCCTGTCTCATCTCCATC	AGAAAGAACC GTTGGGAAGC	>MK901	ACAGAGGCAGAAGCAGAAGC	ACATTTGGGCAAGGATGATG
>MK216	CATGGAGGTGTAGCCGAAAT	CCGAAC TCCAAGAAACGAAG	>MK902	GCCCTCCTTTTACGCTCTCT	GACTGTTGTTGGGATGAGGAA
>MK217	CCCTGGTGTCTGCTCTCTC	AAATGCACATCCACAAATGG	>MK903	AGCTTGGTCTTTGGTGCAG	ACCAAACGACATCCCCATA
>MK218	GGGCTTCTTTTCGCTTACAA	TCGATTACAGGATGATGAC	>MK904	AAAGCAGCACAAC TGGGTTTC	GCTCGTTTGTATCGATTTTGG
>MK219	GTTTCTCCATTCTCTTTGGAG	CTGTGTTTTGGACCCAGTT	>MK905	GAAGCAGCAGCAACAACAAC	CCCTGATTGGTTTGCATTTT
>MK220	CTGGCATGATAAACCAATCA	AGTGCATTTCTCCCAACGTC	>MK906	TTTGGTCCGCCAAGAATAAC	TGGGACCCTCTAAACCAGAA
>MK221	ATAGATCTCCGCCGACACAG	ATCGTTTTCTCGCATGAAC	>MK907	CCCACACTCCCACATTATC	GGGGAGTCAGCTCTTGTGAG
>MK222	CCACTGGAATTTTGGAGCAT	GGAGGGGACAAAGTGGAAAC	>MK908	AACCTTCCAGAGTTGCGTCA	ATTGGAATGCCAGAACAGG
>MK223	CCTTCCCCTCTACCTTCTGC	GGGGAAAGACAAATGAGAGC	>MK909	TGGCGGACATAGTGTGTGTT	ATTGGAATGCCAGAACAGG
>MK224	GGTTTGCTCATTAGGCCAGA	GCTACAAGTGAAGTCGCTGT	>MK910	TGGTCTCCTGTTCTGGCATT	CAGCTGCTTCCACTTGATGA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK225	TTGGCACAGCTCATCATCTC	TCACGTCGGTCGACAAATAA	>MK911	CAGTCCTCACAACCATGCTG	ATCCCAACCCACAAAACAAA
>MK226	TGGGTGGTCTTGAATGGTTT	GTTCTGCAACTTCGCGTACA	>MK912	ATGGGAAGTGGGGTTGTGTA	ACGGCTTAGCAAGGGAAAAT
>MK227	CGGTGGTGAGAAGGGATTTA	GTCAGATTAAGTCAAACAAGGG TGT	>MK913	TGGAGCTCAAGCAATTTATCC	GGGGTCTGCATTTCCATTTA
>MK228	GGATATATGCTGGGGTGCTC	AATCTCTTGCCTCCCCTCTC	>MK914	GTACACAATCCGGCCATTTT	TCGGCCAATCAGAATAACA
>MK229	GGATTGAAGGCAGGGATTTT	AAAGAAAGAAAGAGAGCGTG AG	>MK915	TCGTTTACCTATTCCCACACA	CACATGCTCGGACAGAGAGA
>MK230	CCACAGCAGATTCGTGTCAT	GCTTGAGCTTTGGTTCTTCG	>MK916	GATTCAGCAGTGGTGGAGGT	TTCCTAGCATTTTGGCCATC
>MK231	CAAGAGGACAATGACGAGCA	CAGCAACAAAAGTGGTGGAA	>MK917	CCGTCTCTGTTCCCTGTTCCT	GATGACCTCCGTCTGTGTGA
>MK232	AGCTGAGCCTGAGAGACTGC	GGCGATCCAAACTGAAAGAA	>MK918	ACGGAGGTCACTCTCAACG	CCATACGCATCGAGTTCAAG
>MK233	GAACTTCTACGAATTGGAAC GC	CGAAACAGAGAGAAGAAAG G	>MK919	GTCTTCCAAATTCCCCTCAT	AAAAGAACAGGAAGCCAACG
>MK234	CCATAACTCAAACAGGTCCCT TC	CGTTACTAGACGGCCTCTGC	>MK920	TTGCACATGGACCTGAAGAA	GGAAACTGCACTCTTGAAAA
>MK235	TTTGTGGAGGAGGAGGAGA	CAGCTCAACCCAATTCTATGC	>MK921	TGTAGCCAAGACCCCATTTT	TAAAGTCCGTCCGCTTAGGA
>MK236	CACCTCCCTCCCTCTCTCTC	TTTGTGTTGCTTGGTGTGGAA	>MK922	ATCCTAAGCGGACGGACTTT	CCACAGCCATAGCCATTTTC
>MK237	CCTCCGCATGAGAGAGAAAG	CCTGCCTCTGGGTACACTA	>MK923	TTCACTCTTCTCCAGGTATCCA	TCCCCATCAACCAAACCTCTC
>MK238	CTCCAAGTGTCCAACCCACT	TTTGCTCACTCCCGTTATCA	>MK924	AAACACACTTTTCGCCTTTTC	GCGAGGCCCTAAGAGAAAAT
>MK239	CACGTGAGCACAGAGAGAGC	TTTCAGTGCCTACACGATCC	>MK925	CTTCACAGTCTTCGGCTTCC	GCCCCATTTTGGTGAGATTA
>MK240	TGGTGGTGATGATGGTATGG	GACCTCGCCTTCAAAGACA	>MK926	GATGGAAGGGACGAAGTGT	ACAAATGTGAGGAGGGCAAT
>MK241	CAGTTTCCCTAGAAGCAAACA TC	GGAAGCATTAAACAGCAACGA	>MK927	CCGTACCATGTTCAACATC	GGGAAATCCCAATTACAACG
>MK242	CCCCTTCTTCACTTCAACC	AGTCGCTGGTTGTGCTTTCT	>MK928	GGCAATGGTGAAGGTTTTGT	ATCCCAAGATGATGCACCTG
>MK243	CAAAAGCCACGTTTCAGGTT	TGGGATTTAAAGGGTAGGG	>MK929	TCCCTCTCCCTCTCTCTTCC	TGAGAAGCTGATGCTGATGG
>MK244	CCTAGGAAATGAAGTTGCACA	CGGCCCTGTAGATACACCTC	>MK930	GATGATAATGGCTTACTCTCTAG GC	CTCCACCTCCGATCTGAAAC
>MK245	CCCACAGCGCTCAAAAGATA	TTGTTGCAATGGATGGCTTA	>MK931	AATTTGAGCACCAACTTTGC	CGGAAACCATAACCTTTTGGTAG
>MK246	ATGGAAAGAGGTTTGCATCG	AATCCATGAAGGCAACTTCG	>MK932	TTACAGAGGCCCATTTGTCTG	TTGCTCCATTGCTGTTTCTG
>MK247	CTGTTCACTCAGCGATCCAA	ATCTGCCGTCAAACATAGGG	>MK933	TTGGGGTAGTACCAAAAGG	TCAAATATGCCACGTGCTC
>MK248	GCTCTGGACCGTTTCACTTC	CTGAGCTTGGAAAGAGCGAAT	>MK934	AAGTGAGTCGGGAATGTTG	CTTCTGCAAACATGGGGATT
>MK249	GAGCAGGGGCAGCTAGTAAA	GTAGGCACAGCAGGGATTTT	>MK935	CTTTGTGCGCCATTCCTG	CCCCACAGAATGATTTGGAA
>MK250	GGCGATGCAAGTTATGCTTT	GAGCGCATGACAACAAGTTC	>MK936	AATGGGACAGCCAACATCATC	CACCTGAGCAAATTGAGAA
>MK251	TAAGGCAAATGTTGGGTTGC	AACGCAGAGTTTCTTTCAAGG	>MK937	AACCAACGGCCAGAATCTAA	GAACCTCCCTTCCCTCTACC
>MK252	TGATTTCAAGCCCGTCTTCTT	TGGTGCATTAACCTTTCTTGG	>MK938	TCCCCTTCTTAACCCCAATC	GTTGCAGGAAATGGGTTGTT
>MK253	CCGATCTCTGATTCATCAAC	TGGAAAGGGGTAGAACAAGAA	>MK939	AAAGCCTCTCCCTTGCTTTC	TGATGATTTGGTTGCTGGTG

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK254	CCACATCTTCTATCCCATTTTG	CTTTTGCTTCCACTCCGTTTC	>MK940	TGCCCTAAGGAATGTTCCAG	ATTGTTGAGGCCAGAAATGG
>MK255	CGGAGAAGCTCCAAATTCAG	TCGTCGTCGCATCTTCATC	>MK941	ACGAGCCCTTGTCATCCTT	GCTCATAGTGGCAGATACAAA CC
>MK256	GAGCGTGATGAAGATGACGA	GCTAATTCATAACAAGGGAGCA	>MK942	ATGCATCTGTTGCTTTGCAT	GTTTTGGGCTCTGTGGGTAA
>MK257	TTCTGATGAAAACCCACCTTC	TTGGATGATTGCGGTGTA	>MK943	CGGTGTGTCTTCAAGTGTCTG	GTTTTGGGCTCTGTGGGTAA
>MK258	CAAGCACGGCAAAGAAAGAC	AGAGGGGAAAACCTTGTGTG	>MK944	AGCGGCTAGCACTAGGGTTT	CGACATGCAAAGCAGAGAGA
>MK259	GAACCATGGTTATCCCTTTT	AGGAGCTTCCCATCCTTA	>MK945	CATGGTCTGTGTTCCGTGG	TCCAGGCATCAGTAGAATG
>MK260	CCTTCTTCTTCTTCTTCCCT GT	CGCTGCCCTCTTTATACCAA	>MK946	CCCCTACTCTGGTGAGAAA	AGAGCTGTTGGCTGTTGGT
>MK261	ACACCACAAACCACCCCTTT	CGAGTCGAGGGAGAGCAATA	>MK947	ACCAAACCAAACAGCCAAC	TCTTCCATGGGAAATCAAG
>MK262	TGTACCGACAGATGGGAGT	ACGACTAGGGAAGGGGAAGA	>MK948	TTGCCTCCTTCCCTCTCTCT	CTTCTTCCCTCGTCGTCTTGG
>MK263	GCCGCAATTTTATGCTGTCT	CCACTTTCCTCACCACCATC	>MK949	TGGAGCTTCTGGACTTTGGT	TCGATCAGCTCACTCAGGA
>MK264	AGCTTGCCGTGGTAGGACTGA	GGCCATGATTCTTTTACCT	>MK950	CACAAATGGCGTCAGCTAAA	GTGGACGGTGGACGTAGAAG
>MK265	TTTCTGTGGGATGGTTTGTG	TCTTTTGCAACCCAAATTCC	>MK951	TTCTACGTCCACCGTCCACT	GCAAGGCATTAACAAGAAAGG
>MK266	GGCCAGCAATTCTATCCAAA	TGGATCCTCCCATTTTCAAG	>MK952	TCCATACACGGAGCAGAAAA	CCAAGATCCTCCTCCTCCTC
>MK267	CAGCTCCTCCAACCTTCAA	TGCTGAGGACTTGCTCTCTTC	>MK953	GGGTTTTAGTCCGTGCAGAG	CGGGTTATTGAAACCTTGTG
>MK268	ACGTATCGCTTCCTCATTGG	GGAGTCACAGTTGACGCAGA	>MK954	CCTTCTTTTCCCTTCCCTCGT	AAAGTTTGGAGGCGAAGGTT
>MK269	TCCATCCATCAGCCTTTTAG	TGAGAGGAGAGAGGAGAGAGGA	>MK955	TGAAGCTTCCCACAAAAGG	AATTTTGGCCTTCCACATGA
>MK270	GGCTTTCTCTCCTCTTTCC	ACGGCTCTTTAGGGTTTTGC	>MK956	GAAATGGTGAAAAGCTTCC	TGGGAGGCTGAGTTTGTTC
>MK271	TCTCTCTCCAGAAGGGCAA	CACAAGAATGTAATGGCAGGT	>MK957	GCCTCCCAACACTACCCATA	CTTCCATGAGCACAAGCAA
>MK272	GGAGATGGACCCTTCATGTG	GCTTCTCCTCCATCAGTTCAG	>MK958	TAGCACGCTCTGCCCTTTAT	CTCAAAGGAGAAGCGCAAAC
>MK273	TGAACAGCCAGCCACCAC	TACCTTTGTGCGGGAGTTTC	>MK959	GTTTCGGAGGAGGAGGATGAC	GCAGGAGAGCCAACAATAGC
>MK274	TACCACCCCTTCCCAATTTT	CAGCTGCGCTATGAGAAAAGA	>MK960	ACCTCGAAAATTGAGCGATG	CTAAAGCCCTAGCAACCTTGT
>MK275	CTCTCTGGCGCAACTCTCTT	TAAAGGGAGGGGTTCTCGAT	>MK961	CCCTCATCTTGCTTCTCAGC	TTGACCCCCGATCAGTCTTTC
>MK276	GCCACGTGTCTGTATCCTT	GGGGTGGCAAAGTGAGTTA	>MK962	ATCTCCTCCATTTCTGTGTCG	GGAAGCCCTAATGAGCTGAA
>MK277	CACAACAAGAAGGCCAGTGA	TGAGCACTAATCTGGCTGGA	>MK963	GCAGCATGTCTGGAGGAAGT	ATTGGAAGCTGTGTGGGAAC
>MK278	AACCACGTGTCCAAACATCA	GGACATGGAAACGCTTTGTT	>MK964	CCTGCAATTTCAAGCCAAAT	TCTTCTGGTGCAGGAAGGTT
>MK279	CGTCCCTGAAACATTCTGTCT	GACATGAAACTGGCCAATCC	>MK965	AATAGCAACCTGCGGAGAAA	CGCGAGTTGAGCACGTATAA
>MK280	GTTTTGCTCCTTCCCTTTCC	AAAGCTGTTTGGATGGATCG	>MK966	TGTGCTTGAATGGAAGTTG	TGCTCGTACACGCAGATACAT
>MK281	GCAAAAAGCAACAGCAAAAACA	ACCAGACAGACGGAAGAGGA	>MK967	AAATAAACTCTCCGCCTTT	TCGACGAACTGATCCGAATA
>MK282	TGGGCCTCTTGTCTTGTCT	TGAGAGAAAACAGTGGCATCG	>MK968	TTTTCCCTCCTCTCTCTCTG	TCGACGAACTGATCCGAATA
>MK283	TCACAGTGGAGCAGGATCAG	TGTGCAAGCTAAACCAAGCA	>MK969	CGACGCTCTCACACTCTC	TACTGGGGACTCTTCGGTGT
>MK284	TCAAGTCAAAGCCACCCTCT	CCACAGCAAATGAGGCTTCT	>MK970	AGATCATCGTCACGGCTTCT	TTATTGTCAAAGGCCGCTACC
>MK285	AGGCGCAATACAGGAAAATC	TTCAGAAGCCAAGGAAAATG	>MK971	CGGAACAAACCCCATCATA	TTCCACACGAAAACCATCA
>MK286	GCTCTCCTCCTATCCTCCT	AGACTTGCTTTCCTTGCCA	>MK972	CCACCTGTCTCCTTTGGATT	GTGGTGGTAGTGGAGGGTTG

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK287	CGCCAAATATTCGTTGGTTC	AAGTGGAGGAGGGTAGAGTGG	>MK973	GGGTGGGAATAGGATTGCTT	TTAGGTCCCTCCCTTGCACAC
>MK288	TTCAACTCCGACCCTTATGC	GCTGGTGCCTGGTATTTC	>MK974	CCAGCATAATGTGATGCCTT	TCGTGTGTGTGTGTGTGTGTC
>MK289	CAATCTGTCCGGTCAGTCGAA	ATGGTCCAGCCATAGGTGAG	>MK975	CGTTGCATGAGAGAGAGAGAGA	CATGTTGAGGAATGAGTGGAA
>MK290	AGTTGCTTCCATCCAGTTGC	CAGAAAACCAGACCCCTTCA	>MK976	TCCATAAAGCACCCATCCAT	TGCGTGTGTGTGAGTGAGAG
>MK291	AAGAAGCGGTGCAAAGAAGA	CCAAAGACGAAGTCCCACAT	>MK977	TTCAGCAGCTTTGCTTCTTCT	ATACGTGCACATGGGAATCA
>MK292	TGTCCCCTCCAGGACATCTCT	GGTACCCCTTTGAGCATAA	>MK978	TGATCCCATGTGCACGTAT	TCCATCTCCCACATGCAG
>MK293	ATTCATCAGGGAATCAAGCA	TTGACTTGAAAGGGGTGGAG	>MK979	GGAAGGCCCAAAACCTATAAA	TTGAGCTTTGGCTCTGAGGT
>MK294	GGACAGGCCAACTACTCCAA	GCATCAGTGGACAAAACCAA	>MK980	CACCTGACACATACACAAAACA	TTCCGAGCGAGTCGTAAC
>MK295	ATGCAATCGTGGTGTTACGA	GGTAACCGACCCAAGTCAAA	>MK981	TTACGACTCGCTCGGAAACT	CGTGGTTCTTCAGGCACTCT
>MK296	ACTACCTCCCTCGCCATTTT	TTGTCTTAACCCACCGAAC	>MK982	GGATGATGATCTTTGGGACCT	ACACCAGACAAGCTCCATCA
>MK297	AGCGCAAGAAGCAAACAAC	GATCGACATCTGGTGAAGCA	>MK983	CCAAAATGTGGGTTTCAGTCC	TCCCTTTGAAGCAGATCGTT
>MK298	ACTGCTCTGCTTTGCTTTGC	GTCCAAACTGGAGGGCATT	>MK984	CAGAATTTGGAAAGCCCCTA	GAAACCAAAACCAACCCAGAA
>MK299	CGTTCCCTGGTTTTGGTCAT	TATTGGTGGTGTGCTGGTG	>MK985	ATTGGGTTTTCCCATAGC	TCTTCCACTTCTTGGCATCC
>MK300	ATTGCCGAAAACCCAATAG	GGCTGTGAGATCAATGCTGA	>MK986	AAATGCCACTTTGGCTCCTA	ACCTGGGTTGAGCCTGTAGA
>MK301	TGTCGCAAGGTTCAAATCA	AGTTTTCATGGGAAGCATCG	>MK987	CTACCAGGCTGCCATTTTCAT	CAACAGGAGAGGAGGCTTTG
>MK302	CTCCTTGTGGAGTGGTTGGT	GGTGGAGCCATAGGCATAAA	>MK988	AGCCTCTGTGGGATCAAATG	GAGCCTTCATGTGAGGTGGT
>MK303	TCCCCACCCAGAACATAAAA	GGATCTTTCAGGCCCTTCTCC	>MK989	ATTCATCCACTTGGGATTTCG	GGTTGTTGTTGTTCCCATCA
>MK304	GCCCTGAAAGATCCAAAACA	GCAAAAGCAAATTGAGAGCA	>MK990	CAAAATCATCAGGTGCAGGA	CCAGAAGAAGTCTTAATTCCAA GC
>MK305	TTCTCCCAACTCCTACTTGCTC	CAGCTCAGGAAAGGAAGCAT	>MK991	CTTGACCAAAAATGCAAGAA	TGAGACAAGGGAAGAGCTAGA AA
>MK306	CAAACAACCTCTCCCCATACCA	CACGCACCTACGGGTTATTT	>MK992	AGGCTCCATCTCTCCTCCTC	ATTACGAAGACAGCCCAAGC
>MK307	GTGCGTGTTCACAGCTCTT	GCCAAAACCCTAAACCCTAAA	>MK993	CATGATTTGGTGCTGTCTGAA	AATTAGCACGGAGGGAGGAG
>MK308	TGATTGCAGAAAGCAAGAGC	GCAGTGTGGTTGTCCAACAT	>MK994	TACCCGTGACACTTCCCATT	GAGTACGGGAGGAGGAGGAG
>MK309	CACTTCATCGTACCCTTGA	CGAGCAGCTGAGAGAAGGAC	>MK995	TCGTCCGGATCATACTCACA	AGTTTCTTGGTGGGTCTGTTG
>MK310	CTTGTGATCAAATGGCTGA	AGAGCGTCTCGAAAAGAGGTG	>MK996	TGACCGCCCTCTCTACTC	GAAACCCAACCAGTTCATGG
>MK311	CAATTAGCGCGGGAGAATAA	GTCATCGCTCCTTTGCTTTC	>MK997	CCATGAACTGGTTGGGTTTC	CGGAGTACTTGAAGCCAAGG
>MK312	GTGAGGTGAGGTGAGGTGTG	GCTCTACCCGCTCTGATTTG	>MK998	CGGACACAACAGATCAGCAC	ACCGCCTGCTGTACCACTAC
>MK313	GCCCAACTATTCTTGTTCG	TATGGGTGCATTGGGATTTT	>MK999	CGTCTCTCAGCAGCACAGTC	TTTGACGCATTGGTTACTGC
>MK314	GAAGCCAAGGATTTGGATCA	GCGCTAGAGGAAAGTGGTGAG	>MK1000	AGTTCAGAGCCCAAAAGCAA	TGTCCTCAGACCCGATAACC
>MK315	AGCAAAACCTCCTTTGCTGA	CAGCCTAAAATGAACCCCTCT	>MK1001	GGTTATCGGGTCTGAGGACA	CATTGGGTTTTGGGAACACT
>MK316	CTGCTTCTCAGACATGTTGGT C	ATCAAAGCCACCCAACAAAG	>MK1002	GGTTATCGGGTCTGAGGACA	GGAGGGAGGGAGAGAGAGAG
>MK317	TCAACAACACCCAACCTTTTCT G	TCACTCCCTTTGGCTCTGTC	>MK1003	CAGTGTCCCAAAACCCAAT	CCGCCATATTCCACCAACTA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekanslar(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK318	TCCCTCAAGTCATCCTTTGC	ATGATGGGAAGGTTCAATGC	>MK1004	TGGAGCTAAAGCACACCACA	ACTCCTCCATCACCTTTCC
>MK319	CAACACTTCGATTCCCCACT	GTGAAATGGAGGTGGCCTTA	>MK1005	TTAGCACTTGGGAGCTCGT	TCAGCAGAAATGCAAAGGAA
>MK320	GCCACCTCCATTTCACTTCA	GGTCGTTGGGTAGGTTAGAT	>MK1006	TCCAAACCCTCAACACCATT	TCACAACAAGGAGCCCTACC
>MK321	GCAAGCATTGGAGGAGTTGT	TGCCTTAGCCAGAAAGAAGG	>MK1007	TTCCAAGTGAGGAGCTGTGA	GGAAGTAGTGACCCTTATGTTG G
>MK322	TCCTTTCCAGTACCATACCA	CATTGGGGTTGAGGAAGTGA	>MK1008	CCCCAGTTATCTTTGCTGCT	AGGGTGAAGACGAGGCATAC
>MK323	TCTCTCCGACTTGTGCTTTG	TGCCTTATGATTTGCATTGG	>MK1009	AACAACCTTTGCCAATGTCC	TTCGAAGAGCAGTGGTGATG
>MK324	CAGTACTCACCCGCTTCTCC	GCGAGGAATTGGAGTGTGAT	>MK1010	GAGTGGAGGGGATACGTTGA	TCATCATCAATTCCTCCGAAC
>MK325	TTTCTCCTTATCCCATCACC	GACATTTGCAGGCAGTGAGA	>MK1011	GGTATTGGCAAGGAGGTCAA	CCAATGGCAAAAGAAAATGG
>MK326	GCTGGCTTGTGTTGCTTAGG	TCAAATTCTGGTGTGGGTGA	>MK1012	TGCAGCTCAATATTCGCACA	TTAGTAACGGTCTCCCACTGA
>MK327	CGATCTTTCAGTCGCTCACA	ACTGCACCCACTCTGCTCTT	>MK1013	TGTTGGGGGCTAATCCATCT	ATCAAGCCCCTCTTCTTTTT
>MK328	TTGCTTTGGACAACAAGTGC	AGGTGTAGGGTTGGGTGATG	>MK1014	GTGACCAGCAAATCGGAAGT	GCTTCACAGAGAGGCTTTGG
>MK329	CACAAAACCCCTCACAGCTT	CTCCAGAACCCCTCACAAAA	>MK1015	CGGTTACGAAAGTTCAAGG	TCTTCCGACGAGACACCTCT
>MK330	CTTCTCTTGCAGTCAAAGC	GCAAGCCAAATTAGCGAAAG	>MK1016	AGGAGCAGGAAGGAGGTTGT	TGCAGGAGAGGAGAGGAGAG
>MK331	TTCCACTACTCCTCCATCA	GATTTGGAGGTTGGCAGAGA	>MK1017	GGTCCCACTCGAAATTGT	CCCAAGAAGAAATGGTTTGG
>MK332	TCAATTGGTTGCTCCTACCC	TGATAACAAGCGCACTGACC	>MK1018	CCATAGACTTTTATCTGTTGCCAC T	GTTTGAAGTTTGGGGCATGA
>MK333	CTGAAACCCCGACAAAGGTA	CCCACCAACCAAAATAGGTC	>MK1019	TTCATTCACCCTTCTCTCCT	CCACTGGTGGAAAGTGACAA
>MK334	TTCTTCTCGCTGTAGGAGAG T	AAGGTGGGAGGGAATACGAT	>MK1020	TTTTGCCCAATTGACTTCC	GGGGATGAAAAGGGACTGAT
>MK335	GAGAGTTGACGGCGATTT	GTGTTGGAAAGGACGCGTAG	>MK1021	CATGTCAGCCACAGCACTTT	GGCAGTGTGCTTGAATGTTG
>MK336	ACTTTAGGCGCATGAACGAA	CAAAATCGGGGCACATAGAT	>MK1022	GCTGTCTGACTTCACCGAATG	GTTGGCTGAGAAGGAAGGTG
>MK337	ATCTGCTACGCTTGGGATCT	GCTAGAGCTGCTGGCTTTGT	>MK1023	CCACAATCAAAGCAACGAA	TAGCAGAGTGCCTGGATTGA
>MK338	AACCAAAACAAAGCCAGCAG	TTTGGCTCATCCAAATGTT	>MK1024	CTCTCACCACACCCAATTCC	GCAGGTTGAGGTTGAAGGAG
>MK339	GGGTTTTGTAAATGGGACCT	GGCTCTGTTGGATTTTGGAA	>MK1025	GCACCGAATTCTCTCAGACC	TTAGCTTTGAACCGGCATCT
>MK340	GCTCTCCCTAGTCCCTCCTT	TTCTACAGCATTTGCGTCCA	>MK1026	GCTATAGGGGCAGCAGACAG	GGTGATTGGGAATGAGATGG
>MK341	TCGAGCTCTGCTGATAGGAAG	TTTTGCACAAAGCACCTCAC	>MK1027	CCTTGCCGTATCCCAAAATA	GATTGAAGTGAGCGCCTTTT
>MK342	GATGAGGAGGACGAGGATGA	AAGCTTCACAGGGCTTTCTT	>MK1028	GAGAGCTGGAGTCAGGATGG	GAAGGGTTTGTCTGCTTG
>MK343	TCTGAATTGGGCACCTTACC	TTAGGCTTCGGCTACTGCAT	>MK1029	GAGAGCTGGAGTCAGGATGG	TACGGAAGGGTTTGTCTG
>MK344	ACGCCTTTCATCTTCAATCG	GTTGGAGCTCAGGGTGTGAT	>MK1030	ATGCAACAAGGAGCACACAG	CTGACACCAAACCCAGTTGA
>MK345	TGGTGGTGCAGAGTGTGTTGT	TGCAGCCTCTCTCTCTCCTC	>MK1031	GGGAGAAATGTTGCCTTGGT	CCACAATGAAATCGACCTTG
>MK346	ACGAAACCAAGAGACCCAAA	TTGAAACCATCTCACGGACA	>MK1032	TCACACGCACAGTAGAAAATGC	TGGATTGGGGTTAGTGGGTA
>MK347	CCTTTCAATTGGCTTCTCCA	GGCTTGGGATGAGTTGGTAA	>MK1033	CCCTCCTCCCTCTGTTTCTC	GTTTTGGCATTTCGACCACT
>MK348	ACGAACCAGGAGAGAGCAAAA	GATCCCATTTTTCAGCTTCCA	>MK1034	CAATTTGCTCTCCCTCCATT	GAGCTTGCAGTGTCTTTTGG
>MK349	CGCATTGCATTGGTAGGTAA	TCGGTGCTCCAATATGATGA	>MK1035	GGCTTCTCAGCTCCTCTCT	GCGTTGAAGCCATTGTAGGT

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK350	TTGGGAAAACCTCTTTGTGG	CAGGATCAAAATGGCATCAA	>MK1036	CCCTCCCTCCTCCTTTGTAG	GATTGATGATGCGATGTGAA
>MK351	AGGAGATTGCACGCCTACAC	CGTCCGATTGGGTAAAGAGA	>MK1037	ACGCAGATCGGTAAAATTCC	CAGACAAACAGAACGGCAAA
>MK352	CCAATCACAGATTCGCTTT	CGCATATGGGATCCAAGTAGA	>MK1038	GAGGTGCTCCCAACTCCATA	ATAGACAGCCCCACTGATCC
>MK353	TAGCAAGGGAGGCTGAAAAG	CCCCAACTTTGTTGTGTTGTT	>MK1039	GCCAAAACCTCAGGAGAGAGAA	TGGTACAAGCTGATCCTCCTTT
>MK354	CACCCAACCCTCTTCTGTCT	ATTTCTAGGCCACGCCTTCT	>MK1040	GTTTGGAACCTGCATCACCA	ATTTCCAACCTCCGTGTTTCG
>MK355	TAAGCAAGCACCCCACTTTT	TTTTGGAGGTGGGTTTTAGC	>MK1041	GCCAAAAGCTAGTGGGTCAG	TGGAGGAAGTGAGGGTTTTG
>MK356	TCATCATCTCTTTTCGGTTTG	CATTGCATAACCACCAATGC	>MK1042	AGCAGAGGAAGCCAAATTCA	CCTCATGACACAGCCTCTCA
>MK357	ACGGAATGAGTAACGCGAGA	TCTGAACGTCCGCATAGAAA	>MK1043	CCTCAGCTGGTTTGTGTTGA	GGGAAAAGTGCCTTGTAGGA
>MK358	CCCCTCAACTCACTCCCTCT	GAAGCTCCTCCATCTGGTGA	>MK1044	GTTGATCACCGACTGCTTCA	CTGTTCTTTCTTCGGCCTTG
>MK359	GTTGGTTGTCACCATCTCCA	GGGTTTTCTTTGGGCATTTT	>MK1045	TAAAACCCCATCGCTTTCCT	AGTATGAGTGCGTGATGCAAA
>MK360	TCCAATTACCAGACGGACA	CAAGTTGCTTTTCGGCTACC	>MK1046	GACCTAAGCCTGAGCGACAG	TCAGCTCAAATTGCTCATCG
>MK361	GCAGTTAAACATGTGGGAGG A	ACATCATCCCAACCCTTCTG	>MK1047	TACGACGCAACGTGTCAGAT	TTCAACGAGGGTTCCAGAAG
>MK362	CAGAAGGGTTGGGATGATGT	ATGACACTGAGGCACCCAAA	>MK1048	GTTTTGCGAGGCAGAAAGAG	GGCTAGCAAGCAAGCATAGG
>MK363	GAGTTAATTAGCAACGACTGA GCA	ACAAAGGAGCCTTGCACAAC	>MK1049	TCATCGTCGACTCTCTCGTC	TGGCTTATTTGGTGTGAACG
>MK364	GCAACGACTGAGCAGAGAGA	ACAAAGGAGCCTTGCACAAC	>MK1050	AACTCCTTCCCATTCTCCAT	GAGAAGAAGCAGGTGGTTGG
>MK365	CCAATTACCAGACGGACAT	CAAGTTGCTTTTCGGCTACC	>MK1051	CCTCCACTCTAATCCAACG	CAAACCCAGAAGCCAGAGAG
>MK366	CTGCTGAAAACCAGAGACAC A	TCCCCGATGTAGACGAAGAC	>MK1052	CAGAGGAGGAGCAACCAGAG	GAAGTGTGGGTCAGCA
>MK367	ACACCTACAAGGGTGGCTA	CTGCTCCAACCTCCTCAC	>MK1053	CCCGTAGGGACTACACGTTT	CGCACATAAACATCCATCCA
>MK368	ACACCCACTTCCTCGTTCTC	CCAACCTACCATGGCGATTCT	>MK1054	TTCCACCAATGAATGGGTTT	ATGGAGCTGCAGGTTTTGAT
>MK369	CCTTTGGTCCATATTTTCAGAG C	TTGTCCAGTGAACCTCAAGC	>MK1055	TTTGTGGGCTCTACGGAGTT	TGATGATGAGTGCCAAATGG
>MK370	ATCAGCAACAACAGCAGCAC	ACCTGCATTTGCATCCTTGT	>MK1056	TTGCCACTCATCATCACCAT	TGAGAATGACCCTTCCTTTCTT
>MK371	CCCCTACATCCCCATTTTCAT	TTGTGGTGTGGTGGTGGTTG	>MK1057	CCCCTTTCTCTCTCATTTCTC	CATGGCCCTTTTCTCACTTC
>MK372	TTTGCTGGACAAAACAGCAC	CACCATGGAGAAAAGGAGAGG	>MK1058	GGAGCATTGAGGATCTCTGG	AGGGATGAAAACCTGCAAAAGC
>MK373	GCCGATTCCATCTTCTACCA	GCATGTGCATTTTGTTCGTT	>MK1059	TCGAGGCTTTTATATGGAGTTC	GTGTCTGATTTCCAGTGGTT
>MK374	CGGCTACCTTCCATTCAAAA	TGGCTGAGGTGGTGTGATTA	>MK1060	ACACACCCCAAAATGCTCTC	GGGCGAGGGAGGAAAAGTA
>MK375	TGCAGTAACAATGCGCAGAT	CCGAAAAACAGAATGCGACTT	>MK1061	CACCAGTCACCAGTTGTTGC	TGTGTGTGTGTCGTAGGTG
>MK376	AAGCCCAAGCTAGCACACAT	AATCCCACATCACTCACACG	>MK1062	CACCAGTCACCAGTTGTTGC	AGAGTCCACCTCCCTTAGCC
>MK377	GAAGAGACTGAGTGACAGAA ACAC	CAAAGCTGTTGGTGCTGAAA	>MK1063	CCATTTGGGTTCTCTCTCCA	GGGTGCAGTTGAGGTTGACT
>MK378	CAACACCACACCTCAACCAC	GACGCCATGGAGAGAAGAAG	>MK1064	CTGCACCCATGAAGATGTTG	TGTTATCGGCGAAGAAGTCC
>MK379	ATGAGCCTTCTTCTCCACA	CAAAACCCAATCCCCTGAT	>MK1065	CGGCGACTCCTACAATTTTC	ACCCTCCTCTGCTGTACCT

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK380	CTCTCTCCCCAAAACCTCAAAA	AAGATGATTCTGAGGACATGGA	>MK1066	GAAGGCATGGAAATCGAAAA	GGGAGAGTGGGAGAGAGGAT
>MK381	CCCTCTTTCCCATTTACAAA	ACCCACACCAAGTCCAAGAG	>MK1067	GCCACCGCCGTGTAATAA	ATAGTGGTCCCGTCCAGTTG
>MK382	AGGCTCTCTGCTTCCCTCGT	AATGTTTTCCCTACCACCA	>MK1068	GTTCCCTTCGCTTGTGGTTT	TCCAAACTATGGCCACACAA
>MK383	CCATTTCCCTTGTGTTTTGC	GCATTTTGGGGTTAGGGATT	>MK1069	TGTGTGGCCATAGTTTGGAT	GCTCCAACCAAGAGACAAT
>MK384	GTCACACAACCTGAGGCAAA	GCATTTTGGGGTTAGGGATT	>MK1070	CAATTAGCGTGCATGGATCA	TGGTATAGCAACAACGCTCA
>MK385	TAATCCAGGTAGGCTGAACG	CCAAAGGGAAATGGGAGTTT	>MK1071	CCCTCAAACCATTCCAGTT	AAGAGCATGCAGACTAGGTTG
>MK386	CAGCAAGATGTTGGGGAGAT	AGCAAGGGGCCTGGTATAGT	>MK1072	TTTGGCACACAGCAGAGAAC	TGGAATTGGGAGAGGAAGTG
>MK387	CAGCAGCCATCTGATACGAA	TCCAATCTCCAAGCCATTTT	>MK1073	TTCCAAACTGGAGAGACAGTGA	AGGGATGCAAGACTTTGACG
>MK388	GAATATGGCTGTTGCTTGCAT	CATTGCCAAGTTCGAAAGAA	>MK1074	GAAATCAGCCACCGTTCTTC	GGAGATTCCTCAGCAACCAA
>MK389	TCCAAACACCCTTTTCCTTG	TGTGGTGATCGCTTTTAGAGAA	>MK1075	CCAGAAAGTGATCCTCATCCT	AAGCAAGCGAAGAAGCAAAG
>MK390	CGCGCTTCTTCCACTTAATC	CATTTTCAGGCCAAACCTA	>MK1076	AAGGGAAGTTCAGTTCTACATT	AGCATGGTGTTTGGTGACTCT
>MK391	AACAACCCAAAGCTGTCCAC	GGGTTGATCGGAGAGAGTGA	>MK1077	CCTCTCTCTCTCAATTCTCTCC	ACATTGAAAGTTGGGCGTTG
>MK392	AGGGTCCATTTAGGAAAGTC	TGGGTTGGGTGATTAGAGAGA	>MK1078	CTCTCAATTCTCTCCATAATTCCT	ACATTGAAAGTTGGGCGTTG
>MK393	TCACACACACACACACACACA	AAAACCAGCAAAACCCAGAA	>MK1079	GGAGGTTTCGAGGAGAGAGAGA	AGAAACCCAGTGGCACAATC
>MK394	TTCATCAGCTTCGTCACCAG	CGGGGTTGTTGTTATCCTTG	>MK1080	ATAGAGACCGACGGGGAGAG	AGAAACCCAGTGGCACAATC
>MK395	GTGCATTCGGGTTCTTCAAT	TCTCCACATGCGATTACGAG	>MK1081	GAGATCGGGTCGAGCTGTAG	CAAAATACCGCGAAGGGTAA
>MK396	TCTCTCGCAGTCGAATCCTT	CTGCACTGGGATCCTTGTTT	>MK1082	ACGAGCTAGAAGGGGAGGAG	GTTGCATAGAGCAGCAGCAA
>MK397	GGGTGGAAGTTGTTGATTGG	AGTTTGGCAGGGGCTTATT	>MK1083	ACATGGCAACCCGAGAATAA	CACCGTGATTTGTTTCCACA
>MK398	GACTTCCGACCAAAGCAAG	GCTGCCTCACTCCTCTGAAC	>MK1084	CAACAACAGGGATGGTAGGG	ATTGGCACTTGAGCTGATCC
>MK399	GGACAGAGAGTTGGGAGGTG	TCTTGCCAGGTCTTGCTTTT	>MK1085	AGAATACGAGCGAGCGACAT	GTCCGATTGGGATTGTGAT
>MK400	TGTGCGTCTTCAATTTCTCG	TGGTGAGTCGTGACGCATT	>MK1086	TTGCGCTTGAGAGAGAGAGA	TGCATGCTTAGACCGCTACA
>MK401	AGGAGCTGAGAGCCATGAAA	GCGTTGCCACTTTAGAGGAC	>MK1087	GAGCCCTTGACCAAATAAG	GAAGGGACACCTTTGGGATA
>MK402	CCACCCATTTATAACCAATCC	CCAGCTTAACACGACCCATC	>MK1088	AACGGGTAAGCCTCCTTCTC	GAGGACTGAGACACGGCACT
>MK403	TGAAAACAAGGTCCCTCAGC	CATGAGCTGCTTGATTCTCCT	>MK1089	CTGCAGCGTCTCATCGAGTA	TGGGCAACTTGGTTGTTGTA
>MK404	AAACACAAGCCACAAAGG	GGAAGAAACATTGGGAGCAA	>MK1090	GCAACAACCTTTCATGCTTT	GCATTGTTGGGCTGAAAGAT
>MK405	GGTCATGATGGTGTGGTTG	TAAGGTTTCTCTCCACGA	>MK1091	CCGCCCCTACTCATCT	TTGTTGTGAGGAGGAAGCAA
>MK406	TTTGTTCCTCTCTCGTCCT	GCAATGCAGGTTCTTACAGATA	>MK1092	AGAGCCAGCGTGACAGATTT	TTTGCAGCGTAGTGGAGAA
>MK407	TCCATCCAACCTCCTCTGTC	GTTGTTGCAGCCTCTTCTC	>MK1093	TCTTTTGCAGACTAGCTT	CGCTATTCCTCCATTGAAA
>MK408	CAGCAAGCAGTTCAAGGACA	CCCAAAGTGGTGACTTGGTT	>MK1094	CGTCCAAAGTGGAAAGACCAG	TCCTGATCTTGAGTGGCAGA
>MK409	GAGGGCTTGAGGCAATAGAA	CCCTCCCCATCTCTCTCT	>MK1095	TGGACCCAGAGACGACAAAT	CTGATCATCTGGTGGTGGTG
>MK410	GCTTTGTTTCCCTCGGTTGTT	TCACCTGCCTGTTGATCTTG	>MK1096	GGGTTTCCCTCCCATACTA	TTATGGGGAAGATGCTTTGG
>MK411	CAGTGAGCTCCGTTTGAAGA	TTCTGAGTCTCGGCCTTTGT	>MK1097	CGTCTCCTTCTTTTGCCTTTT	TAATTGAAGCGGAAGCAACC

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK412	GCTAAGCTTCCCCTTTGCTT	CGACGAAACACTTTGTTTCAGC	>MK1098	CTTCCTCCTCCTCATGTTTCG	GCGCTACAGTTGCATTCTCA
>MK413	GGAGGGAGGGGAGTATGTTT	GCCGCTATGCTCTATTGCTT	>MK1099	TCTTCTTCATGGCAAATCCA	GGAAGGAAACAAAAGCTTCCA
>MK414	CAACCAAACCCAACTCGAC	GCGTGTCTTTGTCGTAAACA	>MK1100	CTCTTGCTTTGGCTTTGCTT	AGTGGTGGGAGGTCAGAGAG
>MK415	GGAAAGGATAGACGGACACG	GACTTGGCTTTGGAGTTTCG	>MK1101	TAGCGCCAACCTCAGACGTAA	TCTGAGAAGGGAAGGCAAAA
>MK416	AGCAGAATGGCAATGGAAT	ACCAACCCAATGAACCAAAA	>MK1102	GCATTTGATGGGTTTTGACC	GAACAAACAGACATGCTCACG
>MK417	TTCCTCCACCACAAAGGTCT	TGTGGGGTCTTTCTTGGTC	>MK1103	CGAGGATAACCAAACCCAAA	GCTGTGTGTGTGCTTTGAAGA
>MK418	CCAACCCCAAGAAAGAGAAA	GGGGTTTGGAGGGATATCTT	>MK1104	CATCATCATCTCTCGGTCTCA	CAATTGACAGCTCCTTCTTGT
>MK419	TCAACAGCAACCAAAACAGC	AAGGCCAGCTTGAATTGAGA	>MK1105	ATCAGCTACACCCGCACCT	GTGACCAACGGGTTTGTTTT
>MK420	CCAAAACCAAACCAAAACCA	GGTTGTGATCAAATGGGGTTA	>MK1106	ATGCAGGGAAACATGGAAAC	AGGGAAATGCAATTGGTCTG
>MK421	CCCCATTTGATCACAACTC	ATCGGACTGTGACCCTTCTG	>MK1107	TCCTTCCCTCGAAAACCTG	TCCCTACCCCTTCAAAGCTC
>MK422	TCCAGCTGAGTTCGTTCTCC	ACTTGGGCCTTGCTTAGGAT	>MK1108	GCTTTGAGAGGGGAGAGAAA	GCAAATTCGGGATCTTTGAG
>MK423	GTGGTTTCCAATGACGACCT	GCGCAGAGCTATCAAACCTC	>MK1109	TCCTTTCCAGTATTGGTGTGC	GCACCGAAATCTTGCTAAC
>MK424	CACAAAAGCCCCATTTCACT	CCCTTGTACACAGTCGAGCA	>MK1110	CCGGCTTCGAGAGTTAAGAA	TCAGCGGGGAAGAAGATTTA
>MK425	AATTATGCGAATGGCAACTG	TGGCTGAACATTTTGAAT	>MK1111	TCACCTCCCCTCTCTTCA	GCTCCTTTGTTGTGCCTTC
>MK426	ACCTGGCTGGATTGGATGTA	CCACTGCCTTGGTTTTCACT	>MK1112	TGGTTGGGGTTTTCTCTCAC	CCTGAAAGGATCAGCAGGAG
>MK427	CCAACAACAACCACCACATC	GGCATCCTCCTTCTCTTTCA	>MK1113	TAAACCCACCAAGCCTCATC	AGCTGCAGATTTCCCAACAG
>MK428	GAGAAGGAGGAGGAGGAGGA	CCTCCATCGCTTTGTTCACT	>MK1114	GCGGCTGCATTACTACTCTC	TCATGGAGTTGAGGTGTCCA
>MK429	TCAACAAATCTCCAAAAGC	TCCCTCCACATTTCAAACCC	>MK1115	TAACAAAACCCCAAGCAACC	GATCCAAAGCTGGGAATTGA
>MK430	GGTGGGTGACCACAATCTCT	AGCCCCAGAATCTCCTCTGT	>MK1116	TGACGAGCGTTGTCATCCTA	ACCAGGAGGCAATGAAAACAG
>MK431	AAAGCACCAGCTCCATTGTT	GCGCATTATCAACTTAGCA	>MK1117	GACGAATGGACCCCTTCTAA	CCAGCTACCCACCTTTTCAAT
>MK432	TGGTGTGTTGAGAGAAGCTGT GA	TGGGTTGTTGTTGTTGTTGG	>MK1118	CACATTTCTCCAAGCCCACT	CCCAGACAGCGAAAAGAGAG
>MK433	ATGCTTTCCTGCTCCAACA	TGAGTTTCCAAGGCCAAAAC	>MK1119	CTTTTCGCTGTCTGGGGTAA	GCAAGAGCCAATTTGTGAGG
>MK434	GCCCGAATAAAACATGGAAA	CGGATCCAAGAACAGCTAGG	>MK1120	CACAAATTGGCTCTTGCCTA	ACTGCCTCGACCTTCTGCTA
>MK435	CAAGGCTCTTACCTTGCTC	CCACTCTTGTCTTGTACCC	>MK1121	TCCCTCACTTCCCTCTTCC	AGCTGAACCTTACCCCTTCC
>MK436	GAAAACCTGAGCCGATTGAG	GGGCTCCACTTTCCATAA	>MK1122	CACAACCTCATCCACCCTCT	ACCATCTTCCATCCCTCTC
>MK437	CCCCTACCTCCTTTGATTCTT	GGACACAGGGAGGTTGAGAA	>MK1123	TCAATGCGTCAGAGTTCCAG	CCGATGACTCTGTGGTGAAG
>MK438	GGAAAACACAAGATGCAAGG A	TGGGATGTTGGGTAATGTTG	>MK1124	TTTTCGATCTGCACAAGCAC	ACAGGCCTCGGTTTTCTCAT
>MK439	ACCCAACATCCCACAACCTCT	CCAGCGTGGAAAGAGAGAAA	>MK1125	GGAGCCAGAGACCTATGCAG	GCAGCAGCTTCTCTTTGTT
>MK440	TGAACGTTATCTCCCCACAA	GCACCCATGGAGAGAGAGAG	>MK1126	CGCCGCACTCTCTTACAAAC	GCCCTTCTACCTTCACTCCA
>MK441	CCCTCCCACCTCTCTGTCTT	TGCAAGGAGATAATGGAGCA	>MK1127	CGCCGCACTCTCTTACAAAC	TGCCCTTCTACCTTCACTGC
>MK442	CTGGATTTTGTGCGGCATTTT	TCCCTCAGACCTCTCTGTCC	>MK1128	TTGTGTCAGCCAACCTCTCCA	TTGGGTTTGGGGAAGAAAAT
>MK443	AGTCCCCACTTTCACCACAG	TCAGCCACTTCACTGCACA	>MK1129	CCAAAACGCTCTCTTTTC	ATGAGGAAAACCCACATCCA
>MK444	TCCATTTCCGAACCTCCAAC	GGGCTGTTGTTAGAGCCATC	>MK1130	CTTCTCTGCCCATTTCTTCG	ACGGTGACCTACCCATTTGA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK445	ACCAAGGGCAAAGAGAGTCA	ATCCTTTGTGCGCCCTAAAC	>MK1131	CACACCTTGGGAGAGGAGAG	GGGTGTTTGGTTTGTGCTTT
>MK446	GACGTTGCAAAGACCTCCTC	CACTGTGGAGATCCAAACATTA	>MK1132	AAACACCCCATCGAACAAAG	CCTCATGAACCTCCGTCCACT
>MK447	ACGAAATTGGGAAGGAAACC	AGAAAAGGTGGGGTGCTTTT	>MK1133	GGTCTTGGAGCAATGGAAG	TTGGAGGAGTTGGGTTATGC
>MK448	AAAAGCACCCACCTTTTCT	CGCACCATCCCTTCAACTTA	>MK1134	AACCAACAAAGACCCCAACA	ATCGGATGAGAGTGC GTTTT
>MK449	CCTCTCCTCTCCCTCTCCAC	CAAGAAACAGACATCCTCACCA	>MK1135	TGGATGTTCCCTCATGGGTTT	TGTGTAGAAGGATACACCACTG TTT
>MK450	GTGGTATGGGAATGGGAATG	TTGCACCTCCACTAACACCA	>MK1136	CTCTCTCTCGCTCTCCTCCA	TGTCGACTATCCAAAAACAAGG
>MK451	TCCAATGTGAGCAGCTATGC	GGCATGGAATTGAAACAAGG	>MK1137	TTGTCCCTCAAGCTCTAAGCA	CATGCAGCTTCAACTTCCAA
>MK452	TTTGCCTAAAACCCACTTGA	GGGGTTGAGAATAAATGTCTGT	>MK1138	CATTTCGAGGGAGGTCTAA	TACACACGGGGACAAAGACA
>MK453	TCTTCGCCTACTTCCACTGC	ATTGGCTTGGCTAGGGTTTT	>MK1139	ACTTCCAGGCCACTGAGAGA	ACCAGTGTGTCCCAAACC
>MK454	CTTAAACTTAGCCGCCACCA	AGAGAGAGACACGCACACGA	>MK1140	CAAGAACAAAACGCCAAAC	CGGAAAATCGGCAAGTACAC
>MK455	AGCCAGAAACCGAAGCTGTA	AGAGAGAGACACGCACACGA	>MK1141	ATCCGCCAAAGTTTACACAA	GAGCAGGCAAATCTCTCACC
>MK456	CAAACCTCTCACTTCTCCCTCT	CCTTGCTTTTGCCATGAAAT	>MK1142	TTGGAAGGGATATTGGCTTG	TCCAACAAACACACACACACA
>MK457	GAGAAAGCTCGGAACCACAC	CCCCATTAACACCCTCCAC	>MK1143	GCAGCCTAGCTTCAATTGTT	TGTAGGCAATCCTCCTTCCA
>MK458	AGAGAAAGCTCGGAACCACA	CCCCATTAACACCCTCCAC	>MK1144	CCTCCCTCACTCCTCAAAA	GAATTCCGGCAGTTCCATTA
>MK459	AAAGGAGAAGGGGTGGAAAA	TGCTCCATTACAATTACCAAGG	>MK1145	ACAGCAGCAGCAACAACAAC	ACAGAGCAGGCATCCGTATC
>MK460	ATCCCGATATACGGCTCTCC	ATGTGAGGGTTGGGTTTTGA	>MK1146	CTTGGAGCTTGGGTTGTCTC	TCCCTCCCAAATTTACAGA
>MK461	ATGGTGGGAGCTTGACTCTG	AAGCTACTGCCCCACAAAAG	>MK1147	TGCGTGTATGGAATGTGCG	CGAAAAGGCGCAAGTATGA
>MK462	TTCTTCACAATCCAAAGTCAG C	AAACAGCTGAGGCAAAGCAT	>MK1148	GGGTGCATATACAGGGGAAC	GTTAGGGTTTCCAGCCATCA
>MK463	TCAATCATGTGGGTTGAGGT	GCTTTGGAAACTTTGGCTCTC	>MK1149	TGTGTGTGCGTGTGAGAGAG	GTTAGGGTTTCCAGCCATCA
>MK464	AAGGCCGTTACCATTTGTAG	GACCCATGTCTCAATCACC	>MK1150	GAAGTGTGAGCTGTTTGGA	AATTGCTTCGGTGGATGACT
>MK465	GGAACCTGACCCTGACCCTA	CGGTGTTGGGGATCTAATTG	>MK1151	CTGTATGCGCCACTGCTTTA	CAGCTGTGTGAGAAATGAGAA
>MK466	CCATGACGCAATTTCTACACC	TGGTGTACGGACAAACAAGG	>MK1152	GGTCTGCAAAAACAAGAAGCA	GATCCATAAGCCATGGAAATGT
>MK467	CTGGTTTTAACACAACCTTTC TCAC	CCTGAAGATGCCAGAAAAGA	>MK1153	CGCCAGAGCCCTTGTATATT	TGGGTGCTTTTGTGTAAGTG
>MK468	TCTTTCTGGGCATCTTCAGG	AACCCAACTGGAAGAGTGTTTT	>MK1154	GGTGGTCCTTGCTGGATTTA	ACCCCTCCACTCACACACTC
>MK469	CCGGACTCTCCCTCTCTCTT	ATGGGCAACAACGGTTAAAA	>MK1155	GGTCATGATGCCGCTATCTC	AAAGTGAACCCGCTCTCTC
>MK470	CCGAAGCTTGGTGAAGAAAA	CACGTACAACCTCCATTCC	>MK1156	AAATCCAACGGCTATTGCAC	ACTCTGTGCTCCAAAAGGA
>MK471	GCACACTCAGCTTACCATTCT C	CTCTCCTTTTGGCTTTTCCA	>MK1157	TCCTGTTTTGGGGTTCCTTG	CTTTTGCGACTTGTGGGTTT
>MK472	TTTCAGTGCCTGACAAGTGC	TGACCAGTGCTTTAGTTTGTGA	>MK1158	GCCTCCAGGTGAAGACTGGT	AAATTTCTGGGTTCCGGTGGT
>MK473	TGCATATCACGCAAACATGG	TGACCAGTGCTTTAGTTTGTGA	>MK1159	AGGAGCCTTTGTTGGAGCTT	GGAGGCATCTTTTGGTGAAGA
>MK474	AAAGTGGCTGGGGATGGT	TTCTCACATGCGATGCTCTC	>MK1160	AATGCTCTTTGCCTCCTCCT	CATGAAGTTGCAGGGCTTTT
>MK475	GAGAGCATCGCATGTGAGAA	CCACCAACCTCGTCACTGTA	>MK1161	AGCAGGCTCTGCACTTGATT	CCAAATGAGGGAAAACGAAA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK476	GAGAGCATCGCATGTGAGAA	AAATTACCACCAACCTCGTCA	>MK1162	CTCCACCTCCTTCGTCCATA	GCACAGCAATACATTCAACAA C
>MK477	CAGTGACGAGGTTGGTGGTA	TGTGTATTGTTGGAGGCATCA	>MK1163	GATGTGGGACGTGTGAGTTG	CATTGGCAGCAGGATTAGG
>MK478	TGGTTCTGATCTTCTGCACT	CTGGAGGATGCCATTTTGAT	>MK1164	TCTCCACCAATCTCCCTTTG	AAGCGTCCAACCATGATCTC
>MK479	TGGGGACATTAACGAAGGAG	GAGGCTAGAGACCCTGCTGA	>MK1165	GCAGTTGGGCAATAGATGGT	CGACGGCTAGCTCTACAAGG
>MK480	AGGCATTCCAAGCAACAAC	TGGTCGGTTTTGAGATGTGA	>MK1166	TCATTGCCACAAAGCCATAA	AAATTTCTGGCTGGGTTTT
>MK481	CTGGGTCCCTGAGATGGTAA	TGACTGGTCTTTGGTCATGC	>MK1167	CCCCTCACCATTTTCAAC	TGGAGAATTTGATGCTGCTG
>MK482	CCTGAGCCAAAGAACTCACA	AAATTCTGATCGGCGTCTTC	>MK1168	AAATTGTTCTTGGTGTGGTACG	CTGGTTGTGTTCTGGTGTG
>MK483	AAGCAAGCAGGCAAATGAAA	AAATTCTGATCGGCGTCTTC	>MK1169	TTTCTTCCATTCTACCCACTTG	AATACGTACCACCAAGAAC A
>MK484	CCAAAGAACTCACACAACTCA CA	AAATTCTGATCGGCGTCTTC	>MK1170	AAAGCTACCACACATCCCATC	GGGCTGAGATTCTTGCTTTG
>MK485	CCTCTTGCTTCGTCATTTCC	ATTTGATTGGCTTGGGTTTG	>MK1171	CTCAGCCCCATCTCTCTCAC	GCTTGGCCTGTTGATTTTCAT
>MK486	TTCAGGGTGGGAACGAATTA	CCCACATTACAAACGGGAAT	>MK1172	TGGTGTGTGTGGAAAGGAA	ACGTGTGATTTGGAACACCA
>MK487	AACGGGCAGTTCTACAATGG	ACAAACCCACCAAAAACAACC	>MK1173	GAAAGGATGGTTGGTTGTGG	TCAACAAAGCAGGCATGAAG
>MK488	CCCTTCATCTTCGGAGCACT	AGATGGTGGTGGTTTGCTTT	>MK1174	CTAGCCGTAAGATGCGATCA	CGGGACTGTGAGAGAGAAGC
>MK489	GCAAACCACCACCATCTTCT	CGAGGCAAACAAAACAACC	>MK1175	TCAATCCCATCCACCAATCT	AGGCTTCCAAGACACCCTTT
>MK490	CACAGCCCATCCACTCTTTC	AAGGTTGATGAGGAGCAGGA	>MK1176	CCTGGCTTGATCTTTCATCC	TTCTGTGTGGCCCCTACATT
>MK491	CCCTTTTGCTTCCTCCTTCT	GTGGGGTTGCATTAAGTGGT	>MK1177	GGGACTGCAATAATGGAGGA	GCATGGAACCTTGTGTCTCTG
>MK492	GGCACATGAATTACCCACAA	CTTGGTCTCCAGCTTCTGCT	>MK1178	CCCTCTGCACAAATTAGCAA	ATAAGCGCGTGGGATAAACA
>MK493	TTTGCTCATCACCAATTCA	TTCCCTTGAAACGGTTCTTT	>MK1179	GCTCTCCTTCCCTCCCTTTT	GAATTTGCCATGCAACCAC
>MK494	AGCTGAAGACATGGGAGCTT	TCATGAGCTCGTCCAGATTG	>MK1180	CCTCTCATCCACTGCATTT	CCGTCTGGTCTGGGAAATTA
>MK495	GCTCACCTCTTCTCCTCCT	CACCTGATGCTGATGATGCT	>MK1181	CTCTCCCTCTCATCCACCTG	CCCAAGACCAGAAAACCAGA
>MK496	CCCACAGTTCCTCCCTTTCT	TCCGAAACTTGAGCTACCAA	>MK1182	ACTCCCAGACGCAACAAATC	GGAGAACTGACGCAGAAGG
>MK497	CCCTCATTCACTCTCACAAAGC	TCTCAAAAGCCCGAATTCAT	>MK1183	GCATTCCACACATCTTTTGGT	AGAAAGGCAAAAGGGCCTAA
>MK498	CACGCTGTTTTGACCACTCA	CATGCAGTAAGCAGCTCCAA	>MK1184	ACAACAGTGCCAATCTCACG	CATTCAAGTTGGGTCACACG
>MK499	TCATCGAGCCAGTGTACGAG	CCAAACACCCAAAACCCTTA	>MK1185	GTGACCACGCTAACCTCCAC	TCTTTGGGGCCATTCTCTTA
>MK500	AGACAGCCTCAGAGAAGCTC A	TGTGTCTGTGGTGGCTTGAT	>MK1186	TGCTTCTACTCTTTGGCTTCTC	AGCGTGACAACAGGACACAC
>MK501	CATACGAGTGAGAGGGATGG A	ATCCTCGGGAATTGAACTGA	>MK1187	TCTCTCTCTCGGTGAGTGTCAA	AAGCGTGACAACAGGACACA
>MK502	AGGATTTGTGCCTCCTCCTT	CACCAGTCTGTGGTTGTGGA	>MK1188	TGCTGAGGTCAAACAAGAA	TCTTTTGAAGCCAAAGGAC
>MK503	TCCAGCCCAACTCTCTCTCT	CTTCTCTAATGCCCAAACG	>MK1189	CCAAGGATCAAACCAAGGA	ATCAGGTGAAAGCCCTCTT
>MK504	TTTCGCACCAACAGACTC	AGAGCAAATTTCCGAACTGA	>MK1190	CAGAGGGCAAAAGTGAGGAG	TCTTGAGGTGAGTGAAAGCTGA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK505	TCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTC CTC	TAGCTTAAACGGCTGCCAAG	>MK1191	ACACCCGTTCCGTTAAACAA	TGGAGAAGTCGTCGTCACAG
>MK506	TCTCAAAACACCCCATTTC	GAGCGGAGCATCTAGCAAGT	>MK1192	CAAGACTCTCCTCCCAAGCA	CAGGTGGGGTGCTTATTTTG
>MK507	TTGCAGCTCTCTTCAATGCT	CCAAAAGTTGCCAAAAAGAG	>MK1193	TGTGGTAAAAGTGCGTCTGC	TGCTTCCTGCATAAGTCCAA
>MK508	TGCAGCTCTCTTCAATGCTC	GGGTTGAGGCAGACAGCTAA	>MK1194	AACGCGGACACACTCTCTCT	CCGAGTCTGGTTCGGTTTT
>MK509	CCCTTCAGAGGACGCACTTA	CGGGCTTCTTCCACTTCTT	>MK1195	TCGGAATCGGAATCACCTTA	ATCACCTGCTGCATACCTC
>MK510	TGGTTTAGGTTAGACATGCAC CT	TCCCTCAGGTTCCACTTGT	>MK1196	ATCTGGACGTCACGCTTCTT	CAACAAACCCTAACCCGAGA
>MK511	CGGTTTGGGGATTCTCTGTA	CGCTTCTGCCTCTCTCACTT	>MK1197	GATCAGGTGGTTCTGGTGGT	GAATGGTGCTCCCCTCTGTA
>MK512	AAAAGCGGTTGTGCTTGTG	GCCCAACAAAGCTCAGATA	>MK1198	AAAATTCAAGGTGGGCTGT	CAACAAACCCTAACCCGAGA
>MK513	TTCAGGGGTTTCCATTTCTC	GCAGCCCATTTCTTCTCTTG	>MK1199	CTGTTCTGCCCTTTCTTTTCG	CCTCAAAATTCTTCGTTCCA
>MK514	GCTTGAATTGGCTTCTTTGG	AATGGTGCAGCTTCCCTTGT	>MK1200	TTCTCCCTCTCTCCTCTCTGTC	TGTGGCCTATGTTTCCACAA
>MK515	CCTTCTCGAACCACGAATA	CCAAACGGAAAACCTGAAAA	>MK1201	TTGAAGACAAGGACGCAGAA	ATGGTGATGGCCAGAAGAAC
>MK516	TTTCCGCTTGTCTCTATCA	GCACCAAGGCTTAACCAGAA	>MK1202	TTCCCTCACGAAAACCTT	TGTAGGCGTGCAGATTATGG
>MK517	AGCAGAAGTTTGTGACCTTTC A	TGTGCGCTGAAGAAATCAAC	>MK1203	TCAGCAGGCTCTTTGATGTG	GTACAAAAGAAGGGGCACCA
>MK518	ATGGAAGCCAACCAACAAG	AAAATGCGTATCGGCTATGG	>MK1204	TCAGTGAGAAAAGCAGAGGAAA	GCCTCCAAGAACAGAGTGA
>MK519	TTTCTGCAAGACTCTCCTCA	CCACCATCCACTCTTTGCAT	>MK1205	TAGCTGCAGAACCAGAAGCA	GAGGGCCTTTGAGTTTGAGA
>MK520	CCCACAACAACAACAACAGC	CAGAAATGCATGCCTTGAG	>MK1206	CCAATTCATTTACACCCAAC	TGACTCATGCTGCTGGTTTC
>MK521	AACACCACCTGCTTCAGTCC	CCACCTTCTCAAGCTTCTCG	>MK1207	TTGTGATCCCGTTGTTTCTG	ACCGCTGCACTCACATTACA
>MK522	GCTCTTAAGCAGTTGTCATT T	CGCTGAAAACAGGGTACTGA	>MK1208	AGCTGCTCTGCTTGCTTTCT	GGGATCACAACTTGTTTGC
>MK523	TGGTTGAGTAGATTGATCCCC TA	GTTGTTGGCCTTCTGGTGTT	>MK1209	AGCTGCTCTGCTTGCTTTCT	TAGCAGCCAAGTGAGTTCCA
>MK524	GGGTTTCTTACTCCATTTGCTT	AAGCCTATGGCTCTGGGAAT	>MK1210	GCAGCTGATGGAGAATGGTT	CTCTGTCACGCAGGGGTAAT
>MK525	AACACCAGAAGGCCAACAAC	TGTAAGCCGTCACAAAAGTC	>MK1211	TGCAACTTTGCTCTGCACCT	CACATCAACAAAGCCAGCAT
>MK526	GTCGAGATTCCAGGCGATAA	TTGGCAGTCCATAAAGGATT	>MK1212	AAACCACGATATGCCTCTCTTA	CCATCCTCGCACAAAGTCATA
>MK527	TGCAAAATTTCCGTACCCTGT	CTTCGGCACAAAAGCAGTGA	>MK1213	AAGTGGCACACACCCAAACT	GATCTGAAGGGCCAACAAAA
>MK528	GGCTGAGCAACCAAGAGAC	ATGCGCAATCCATTTCTTC	>MK1214	GGTGCCTTCTGAAAACCTGGA	TTGAGAGACGACGAAAACCA
>MK529	TAGCCGCACTCTCTTCTTCC	GTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG	>MK1215	TCTTTCTGTCAGCCCTCCAT	GAAGAAGGTGGAAGGGGAAT
>MK530	TTCCTGGTTTGGATGCTGTT	CGCTGGACTTCTTCATCCTC	>MK1216	CCTTCCACCTTCTTCCAGGT	TTCCCTTCAATTGTCGCTTTT
>MK531	TTTTGGGTTGTGTGGGTTTT	GCCCTCTTCAAGTGTCACCC	>MK1217	GAGATGCTGCGAAACACTGA	CCTTGGCTTGGTTAGAGCAG
>MK532	GGAAGCAAAGCAAAGCACAT	GAGGGGCTTACAAAAGTGCAG	>MK1218	GGTCTTGGCTCTGCAACTTC	GAAGCACCAAACATCAGCAA
>MK533	CCTAGCTCCTCCATCATCCA	GTAAGCCATGAAAAGCCCAAC	>MK1219	GCGCGCAAGTAAGTTCTTTT	TCCGATACTCCTCCGATACG
>MK534	ATGCATTGACCCACTTGTGA		>MK1220	TTCAAAGCCAACCCCTAAAA	CCCTTGTTTATCCCGTCTT

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK535	CATCAAAAGCTCAAGCCACA	GAAGATTGGGTTGGTGGGTA	>MK1221	CGAATTCATTCAGGGCACTT	GATGGAGGCAGTTTCCATA
>MK536	AATCCTCCTACCCACCAACC	CTCATCCGCCCTTCATGATCT	>MK1222	GGCTGAGACCTATGCTGTCC	GCATAACAGAGAAACCCTCGA T
>MK537	TCATGTGAAGAAAAGGCCAA G	CGAAAGAGCAATGCAAAACA	>MK1223	TCGAGGGTTTCTCTGTTATGC	ACCAGCCTTCCCCTTATGTT
>MK538	GCTCTTTCGGTCTTTGTGCT	GCCGTCGAAGGATTAATAATG	>MK1224	CAAATCCAGATCGTGTGTGC	TGACCATATACACCGAAATCCA
>MK539	GGCATCGATATGCACAGAAA	CCTTCATTTGTCACGCACAG	>MK1225	TGTTTCGCAGGTGCTTCATA	GCATAGAGCTGGACCAATCC
>MK540	TCAAGGCTAGCGTGTCAAGA	CAGCAGCAGAAACTGAATGG	>MK1226	CCCCAAACAACGACAAAAC	TGGCGTTTAGGAGAGTGAGG
>MK541	CCACCTCTTCCCAATATCA	AGCAAGAAAAGGGCTCAGAA	>MK1227	CTCCTAAACGCCATGAAAGC	TTTTGACACAATCCGTGGAA
>MK542	CAATCTGCTCTTAGTTTCAAC TGG	CAGCCAGTCCATCAATCTAGC	>MK1228	TGTTTCGCAGGTGCTTCATA	GAGGGAGGGACTACCTGAGC
>MK543	GATGCCAATAATGGTGTGTTGC	CACTGGGAGCAACCTCTTTG	>MK1229	GACCTCCTGGGTTGGTGTAA	TGAAAGTCAACTGGCAGAAAG A
>MK544	TTTGACGCGTGGTCTTCTC	CCCAGAACCAAGATCCTTCA	>MK1230	TACAAAGGGGTGTTGCATGA	ACTTGCTAGGACCATGTGCG
>MK545	GCACTTTCTTTCTCATCATCTC C	CATACCGTTGGGCATTGACT	>MK1231	GGAGCATTTCATGCCCTTC	TAGCTTCCTGGCACTGGATT
>MK546	ATGTGGCTGCCCTAACAATC	CTCAGCTCTGCTTCGGTTTC	>MK1232	CCCTTACCCTTACCCTTACCC	CCAAGCTCAAAAGCAAAAGC
>MK547	CCATTCTTGACCGGCTTCTA	TCATCTGGAGACTGAAACCACT	>MK1233	GAACGACACGATCCGACTCT	CCCTACTTCTCCTCCGTTT
>MK548	ACCAAAGCTTCCCTTCTTGG	AATTTTGAGCGAGTGGAAGC	>MK1234	CAAAGAGAGGGGCTTGGATTG	CACATTCTCCTTGCCTTCT
>MK549	GTATCCAGCGGAAGTGTGCT	CTGAGAGTGGTGGTGGGTTT	>MK1235	CTGAAGCTCAGCAAGGGAAG	ATTGTAAGCCCCACCTCACA
>MK550	CCCCTTCATTTGCAGTTTCT	GCCATTGGAGGTATCTGCTG	>MK1236	CCATTATCCAACCCACCATC	GAGGGGTTAAAGGCAAAAGG
>MK551	CATTCTTCTTCTGCGCCACT	TCTCCAAGAAATTGGGAAGC	>MK1237	TCAGGTCCCTGCTTTTCACT	GCCTGACTCGGTCATAGAGC
>MK552	CCCCTCTTCATATGCCTTCA	ATGGCTTTGGTGTTCGTTT	>MK1238	GCGGATGGCCAATACTCTAA	CCTGGCAAGTTCAAACCATT
>MK553	AATGGGAGCGTCTCCGTAAT	CAACGTACCCTGGAGAGAGG	>MK1239	CATGCCACCCACATTTTAT	GGGAGGGTATCAGTGGGAAT
>MK554	TGGGACACAGTTCTTGTGTTG	TCAAAAGCCTGGACCATTTC	>MK1240	AACCCATCTTGATCCCAAT	TTGTACTGCTTTGCCTGCAC
>MK555	CATTGGAAGGCTTTGAAGGA	AAGATGGTGGTGGGAGAGTG	>MK1241	GTGCGAGGTCATTTTGGATT	TTTTGCTGCACCTCAACAAC
>MK556	CTCCCTCTTCCCAATCTCT	CACCACCTTGGATCTGCTTT	>MK1242	TGGAAAAGGGAACAGAGGAAG	GCCAAGAGTAGGCTTGTGTC
>MK557	CACAGACACAAAACACAACA TCC	CAAAAGCCAAAAGACCCAGA	>MK1243	AACGTTCCACTCCCTCAAAA	TCGACGGAGACCTGTTTCTT
>MK558	CATCTCCCAAAATGCCAACT	TTCTTTTCGGGTTCAATGGTC	>MK1244	AATCTCCATGCGTTGTCTCC	CTTGGTGGTGGTCTTGGTT
>MK559	AGTCCACAAATCTGCCCATC	CTCTGCCCTTTTAGCCTTT	>MK1245	GGAACAAAGCTTCTAGTTGTCT CA	CCGAGTGCCCTCATTAGGTA
>MK560	TGGTGCCAAATGCAAGTAAG	GCCCAAGAGGACCAACATTA	>MK1246	GGAGAGGCCTTGATGAGCTA	AAGCAGCGCATGTAGCTAGG

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK561	GCCTCTCAGACTCGCAATGT	CCATGTCTCGTCGAAATCT	>MK1247	GCTTTGATGAGGTGGGGATA	GCTGCTGCTGTTGTTGATGT
>MK562	TGAAGGTGGTCTTGCTTTCA	TGCAGCCAACGAGAGTACAA	>MK1248	TCTCCATCACACCTCCATCA	GGTTTGGCATGGATGACTCT
>MK563	CCTCCCAAGTCCCAACACTA	ACCAAGCAAGCAAGCAAGAC	>MK1249	CCTCATCATCACCACCCTCT	CAGCAGCCTTTCTTCGTTTT
>MK564	GCCCCAAGTAGCTTTTCCTC	TTGCCACACCTCCTTAATCC	>MK1250	TGTGTGTGTCTGTGGTTCTGTC	ACTGAAGGGGCAGTGAGAAA
>MK565	GAAAAGGTTGCCAAGTGGTC	CGGTGGTGTGTAGTGGTTG	>MK1251	TGCATTGCTTCCTGCTACAC	ATGGGCTCACATCATTACACA
>MK566	CACCCAACCTCTGCTTCCTC	ACACCGACACCCACAAAGAT	>MK1252	GTCCCTCCTCTCCTCAGC	GCATTTGCATTTGCATCATC
>MK567	GCATGGATTTCTCCTCCAAA	TTGGTAATGATGGCGATGAA	>MK1253	CAGCACCCTTTCTCTAACTCA	GTTTGCTGCTGCTGGTGAT
>MK568	TCCACCACATAACCTTCCAT	ATTTGGAGGAGGAGCACTGA	>MK1254	TTTCCGAACCACGTTTTCTT	CGTGGAGGAAGCTGTTCTGT
>MK569	CTTCGGTTTCAGTGCTCCTC	CTTCCCCACTCAGCTCACTC	>MK1255	GAGACAGAGTGCCTTCTTCCA	ACTTTCCCACTTTGGCCATT
>MK570	CCCAAACAGTGCAAGACAGA	TGGGAAGCCCAACACACTAT	>MK1256	GGTTGACGGGTTCTCATTTG	AGATCCCAAGAGGGTTCGTT
>MK571	TCAGTCGGCATTAAACGACA	GGAAATGGGTTTACGGTGTG	>MK1257	AGCAGGCAGAGATCAGAAGC	TTGGGGCGCAGATAGTTAAG
>MK572	CCACTTCCTTTCCATGCCTA	GGATCACCACCAGCTTCTTT	>MK1258	AGTGCAGCAATCGTCACAAC	AACAGTTGGGGTTGCAAAAAG
>MK573	GGCATCCCCTGCTTTTACTT	GAAAACGAAAAGGCGAAACC	>MK1259	CCTCGTGAGAGAGGCAGAAA	CCACCTGCTTACCCTTTGAG
>MK574	CCTCCTCCCACCCATATTTT	CAGTCTGAATGCTCCCACAG	>MK1260	CTTCTCCACTGCAACACAA	CAGCAATGGCTTTCTCCTC
>MK575	TTTTCTCAGACCCACAACC	GAAATCAAGGCCTCATTCCA	>MK1261	GAACACGCAGAGAGTGAGTGA	CCCATCCATTTTCATGCTCT
>MK576	CAACCACCTTCTCTCCAAGG	GCACCTCAGCTCACCATAACA	>MK1262	CGGGTTTATTCCAAACCAAA	AGCGAAAAGCGGAGACCTAT
>MK577	TCCTATAGACGTTGCTTCAAC AC	CATTGCGGTCTCGGAGTTAT	>MK1263	CAAAGCCAAAATTCCACCAT	GCCATAAACGGACCACAAAAG
>MK578	TGACCTTCTCACCCACACA	TTGGGTACAAGCCCTAGCTG	>MK1264	AGCTCATCACCTGCAAACAA	GCTGTGCTGTGTTTCGTCTGT
>MK579	GTCAGTCCGTCAGTGTGTGG	CTAGTTCCCTCTGCCTCCT	>MK1265	GTGTGAGCAGCTTGTGCAGT	GCTTCGTGTTTGTGGGTTT
>MK580	ATGAAAATGAGACCCCGACA	GAGGCTCTTCTTCCATCATAA	>MK1266	AGCAACAACAGCAGCAAGAA	AAAATTTCCCAACTCCAACC
>MK581	GCTCAAAGCAAAGGTTGAGG	GATCCGGACACTGAACTCGT	>MK1267	ATGGCTGGTACGCAATTCTT	GGGGTGTCAATTTTGCTACA
>MK582	GGCTTGAGATCCTGAGTTC	ACTCAGCCAAACTGGGTTGT	>MK1268	CCCCTCCCATTGAACTAGC	GTTGCGCATATTTTCTCT
>MK583	GTGCATGAACCTCCTCACCT	GCAAAATTTGGGTCTGGTA	>MK1269	CCATAGCTAACGAAAAGAGAAA GG	TTTGTTCAGGTGATGAGC
>MK584	CGCCAGCAGCTAGTGATACA	GGGGTGCCTAGGATTAGGAG	>MK1270	CATATACAGCCCAACTGAGCA	CAAGTCCGCATAGGCTTCAT
>MK585	CACTCTCACCACCAGGGTCT	GCAAGATTGCAAAAAGGGTTC	>MK1271	CCACAGCCAGAGATATCAGC	TGTGAACACAAGGAGGATCG
>MK586	CACACATTCACCTCTCTACTG CT	CCCCTTTGCTGAAGTCTCTG	>MK1272	CCCTCCCCTCTTGCTTTATT	GGAAGGGATGTTGGTTTGTG
>MK587	TCTCTCTCTCTCTCTCTCTC TCC	TGTTGCCTAGCTGCCTCATA	>MK1273	TGTGCACCCCTCATTACATAA	GCCATTTTACAATCCCATGC
>MK588	CCTCGAAAAGGATCATGCAG	TCCCATGCCATCATCTTACA	>MK1274	ACACACACACACACACACACA	TCAGCTGGCTGCATATCTTG
>MK589	TTGGAAAAGGGGAAGAGTTT	TGCCATTGCCATTACCATTA	>MK1275	CATCCAAACTTTCCACCCTAA	CTGCCAGGTTGAAATCCACT
>MK590	CGGCTTCTCTCTCCTCCTTT	CGGAACTCGTTCGCTTCC	>MK1276	GAGAGGGAGAGAAGCATCCA	CTGCCAGGTTGAAATCCACT
>MK591	TTGCTTACCCCTCACTTGG	GACCATGCTCCTTTGTTCTG	>MK1277	CGGCGGCTACGATACTTTTA	GCAGCTGGTGCTTCTCTCT

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK592	TGAGCTGCCCTCTCTCTCTC	ACCATGCTCCTTTGTTTCGTC	>MK1278	GCTAGCTACCCATTTTCATCATTTC	GTGTTGCCCTTTGAACCCACT
>MK593	TCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTC TTC	TGCATGCTTCTTTGACCAAC	>MK1279	CCAAAGCTGAGGAATTCAGG	GATGATGACCCAAACCCAAC
>MK594	CACCAGCTTTCATCCTCATCA	GGTGGTGGCCTCATCAATAG	>MK1280	AACAAGTTTGGTGGGACTGG	CACCATTTGCATTTGCTCAC
>MK595	GCTCTTTCTATTTCCAAACTCT CC	CCCTGCACTTCTTCATCCTC	>MK1281	ACCCAAAAGAAAGCCACCAT	TCGTTTTCCCTCTTCTGTGG
>MK596	AACCCATTTACGACCAGAC	TTCCCGCCTGTACTTTCTTA	>MK1282	CCACAGAAGAGGGAAAACGA	AGGACTCTCTGTTGGTGGTG
>MK597	CGCAAAAGTAAACGCCTAGC	GGAGGAGGGAGGAAGAAGAA	>MK1283	TTATCACCATTTCAGGTAAGC	CCCAAGAACCCATTAAGTGC
>MK598	CACTGGGAGCAACCTCTTTG	GATGCCAATAATGGTGTTTGC	>MK1284	TATCCTAAGCCCGAGATGGA	TTTCTCCCGTGCTTTTCTTG
>MK599	CAGAGACTGTGAAGCTGGTG A	GCATTTACAAGAAGCGTGA	>MK1285	AATCTCAAACCCCTGCAAAA	TGGTTTTCTCGGAAAGTTGG
>MK600	ATGGAAGGAGGTGATCAAGA	AGAGTGGAGGTCGTTGTGGT	>MK1286	CGTTTTGGTTTTCGTGTCTT	AACAGGTCCTCGCAATTCAC
>MK601	CCTTCATGCCTATGCCAGTT	TATCCACTTCCAAGCCCATC	>MK1287	GTGAATTGCGAGGACCTGTT	ACAATACAACAACGGCGTGA
>MK602	AGCTTCCTCCTCCTCCACTC	AGAGAGAGCTTGCCTTCACG	>MK1288	TCACGCCGTTGTTGTATTGT	TCGTTTCAAGGACCTGATGA
>MK603	TGGGGTTTTGAAGTTGAGGTC	GCAGGTGGTGGAGATTCATT	>MK1289	AAGCTTCCCTGAATCCCCTA	GCAACGGGAACAACCATAAC
>MK604	TCCACCGCAGAGTCACCTAT	TTTTGTCCTGAACCGCTTCTT	>MK1290	CTTCCGCATACAACCTGGAGA	TCGAAGATCAATGCAGATCCT
>MK605	CCTCTCCACTTCTGACCCAAT	ATGTCGTTTGGCCTGGAATA	>MK1291	TAAACAGGACGCCAAAAC	GAGGGAACAGGAAGCAAATG
>MK606	CCAGCTCTTATCCCATCCA	AGGCTGCTTTTGTGCTCATT	>MK1292	GACCCCATTCACGTCTTCAT	GCCTGTTTCAATTCATTTGC
>MK607	GGGAAACAAAGCAACAAAAGC	CGTTGGCGACAATACAAGAG	>MK1293	GACCCTCCTCATCTCCTCATC	GTCGGAGTGCATCCTGAGA
>MK608	TTCTTTGGTCTTCTCTCCA	GCAGTGCCATGTTAGGGTTT	>MK1294	ACCGCCCTTCTTCTTCTC	AAAGGTGGAGGGCTTGACTT
>MK609	TGTCATCTTCCCTGCATTTG	ATGTTTGGGGTTTGGTGGTA	>MK1295	AGTGAGAGCGCAAGCATTTT	AATCCCATCGAAGAACTCG
>MK610	TTCTTCTTCTTCATCTCCCTCA	CACCTCTACCCGCAACTGAT	>MK1296	AAGATCAAGCCCTCCGATTT	AGGGTTGTCACCTCTGGATG
>MK611	CTTAGGATCCAGTCCCGACA	AAACCCTCACTACGCCAAAG	>MK1297	CCCAACTCGTATCACAAAGCA	CGGAACCTTGAGGTCTGTGT
>MK612	GGCGTAGTGAGGGTTTGAGA	CAACCCATGAACACATCGAA	>MK1298	CGATACCTTTCTCCTTGAACTCC	TGTTGACGATGGCTTTGAGA
>MK613	CCAGTTGAAGGGAAAACCTTG A	CGGTGGGTGACCATAAATCT	>MK1299	AATAGCATGAGGCCACCAAC	TCATCTTCGCCTACCAATCC
>MK614	GGGTGACCACAATCTCTTGG	TGCAAGTAAATGGGGAATTG	>MK1300	CCTGTTTGCGTTCCAAGATT	TAAACCCACCAACCCATCTC
>MK615	CCACCTATCACGCATCCTTT	GCCATGCGGAGAATCAAAAT	>MK1301	TTTCGCATCCAGTTTCGTTCTT	TGACTGATCACCCACACGAT
>MK616	CGTCAGAAACCAAGGAAGC	TGGTGCCTGTATCCTTACCTC	>MK1302	ACGCACAGACAGAGTCACGA	CGATTTTGGGTTGGTGTGTT
>MK617	GCCAACCAACAAGGACATTC	TGGTGCCTGTATCCTTACCTC	>MK1303	ATCGCCATTCTCAAATGCTT	TGGAGAGAGAGTTGGGAGGA
>MK618	GGAATCATGCAATAAGGGT GA	CACGGTAAGATCAGCAAGCA	>MK1304	CCAAGCTGATGGAGGAAGAC	GTTACCCATCGTGGCTGACT
>MK619	GCCATGGGAACCTTGAGGATA	GTGTTTGTTCAGCGTCTGC	>MK1305	CGTCCACTCCCTTCAGTCAT	GTTTGGAGGCTGTTTATGGT
>MK620	GCATCATATCCCTCTCAT	GTGTTTGTTCAGCGTCTGC	>MK1306	ACCATGAACAGCCTCCAAAC	TGTTGGGTGGTGCAGTAAAA
>MK621	CACACACGCCCTTTTATCTT	ACAAAGGAACCAACCACAGC	>MK1307	CTCCCTCTCCTTTTCCCTTG	TCTGGTTAGCGAGAAGTTGAAA

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK622	GGGAAAACCTTGAAGGGAAAA	TGCAAGTAAATGGGGAATTG	>MK1308	TTTTCAAGTTGTCTCCTTCC	GCGCAGAACTGATGAAACA
>MK623	TCTCTCTCTCTGGGCGAACT	GTAGGAGTTGCCTGCTGGTT	>MK1309	TACCAACCCACATCACCTT	ATGAGTCTCTGGCCCTACCC
>MK624	AACCAGCAGGCAACTCCTAC	TAGATGGGTTTTGGGTTTGG	>MK1310	ACAAGAGCCATCCTTGCAGT	GAGCATGATTTGCTTGCFTA
>MK625	CCAAACCCAAAACCCATCTA	CTCTGCTGCTGCTGCTTATG	>MK1311	CGTCGAATCATCCAAAACCT	CACATCCTCCTTGCACCTT
>MK626	AGCTCCAAAGTCAGGGAACA	GTTGAGCTTCCACAGCTTCC	>MK1312	GGAAGAGAGAGAAGAGAGAAGA GAG	GAGAGAGCGAGAGCAAGTCG
>MK627	CTATGACCCCTCCAGTTCCA	GTTGAGCTTCCACAGCTTCC	>MK1313	GAGAGAGAGAGAGGTTGAGAG AA	GAGAGAGCGAGAGCAAGTCG
>MK628	ATCTCAAACGGTCTGAATTGC	TTTACACCAAGCCCATCACA	>MK1314	TCATAACCGACTTGCTCTCG	AAAACCGCCTTCTGTTTCCT
>MK629	GGCACACATTTCCCTTCTCT	CCAATCAGAAGCCACAAACA	>MK1315	CGACTTGCTCTCGCTCTCTC	AAAACCGCCTTCTGTTTCCT
>MK630	GTCCCCACAACCTGTCTGTCC	AAGGTCCGGTGTGGTAAGAA	>MK1316	CTTCTGCTTTCATGGCTTCC	TCCCAGCAGGAATATTGGAG
>MK631	TTTTCTTACCCACCTTTG	ACCCATAAATCCAACACCA	>MK1317	AGCAGCCAATTCTGACCAAG	ACCCAAGAACAACAAGGCATC
>MK632	CCAATGCGTTCAAGCTCTTC	TTTCCCAAGAGGGATTTTTCAG	>MK1318	TGCACAACGGAAATGTGAAT	CCTACAATGCAATCGACGTG
>MK633	CAGTCGGCAATCCAGTAGGT	TGCTTGTGCTGTGTGTGTTG	>MK1319	ATGGACCCAAAATCCAGTT	TGCCTTCTGTCTTGTGGA
>MK634	CTCATCATTGTTGTCAGGGTT T	TCCACTAGTTGTCCGGTTGTC	>MK1320	GAAGTTGCAAACCCCAAATG	GAGGCAGGAGCAGAGTGGTA
>MK635	GGCCAACCAACAAGGACAT	CTTTGAGAAGGGCTGGTGAG	>MK1321	ACCGTTTGCTCATTGCTCA	GGTTCAAGTCTCCTCCTCCTC
>MK636	ATATGCCCAATTGCAAGAGC	TGTTGGAGATGCTGTGGAAG	>MK1322	ACCCCTTCTCACTCCTCTCC	TGGTTTGGTTTGGTTTGGTT
>MK637	TTTGGGGATTTGGTAACGTC	GCACAGCCAAAACAGCTTCT	>MK1323	CGGTGCTTTTGGTGTTAGG	CTTCATGCCTCCTTTCCTTG
>MK638	GCCGAGAAGACAAAGCAAAA	GTGGCCTCCCTCTCTCTCTC	>MK1324	TTAAAAGGACCCACCCTCCT	AGTCCATTGCTGGAATTTGG
>MK639	TGCAGCTTCTTCTTGCTTGA	ATGGAATCTGAACCCACAG	>MK1325	TTGCTTTGCTCTCTCTTTCTC	CAGAATGGTGTTCGAGTGC
>MK640	TCGCAACAGTTACCCAGTGT	CATGGGAACCACTTGTGTTG	>MK1326	TGCTCTGCCTCTTTCTCTC	TCAGCTGTTATCTGCCACTCC
>MK641	CCCGTGAGGAAAGAAAATCA	GGTGTGCCAGCTAACAAAT	>MK1327	GCAGGAAATTAGCACCAAGC	GCCTGGCTACATGACATTGAT
>MK642	ACAGCTCCCTCAGTCTCTGC	GCTGTTGCTGCTGTTGTTGT	>MK1328	CAACGGAGATCAGTGAAGCA	ATTTCCGGGTCTTCTTCGTC
>MK643	TCCCTCAGTCTCTGCCTTTG	AACCTTTCTGGTTGCTGCTG	>MK1329	ACTCCGCCGATATTGAAGAA	TCTTCTCCTCCTCCTCCTC
>MK644	TCAAAACACGCAGAGTGAGC	GACGTTTGGCGTGAAGTGTA	>MK1330	ACTCCGCCGATATTGAAGAA	CTCTTCTGTTCTCCCTCCA
>MK645	TGCCTTGCTCTAGCAGATGA	CCAGTGGGTACACCTGAACA	>MK1331	GAAGAGGAGGAGGAGGAGGA	AACAGCACCGAAATCCAAC
>MK646	TCTGGGTCTTTAGCTTGCAG	GGGTCATGTGAGCTTGTCT	>MK1332	CCCAAACCAATCAAACACC	GCAAAGGGAATGAGAGACG
>MK647	AGTCCACATGACCCAAAACC	GAGAGGGAAGCAAAACATCAA	>MK1333	CCAAAGGATATATGGTTTCTC	AAGCATGATTCGTTTATGCG
>MK648	TTGATGTTTGTCTTCCCTCTC	CATGGACGGCTTAACAAGGT	>MK1334	CCTCCTCGGCCTTTCTTTA	TGGTGGTGGTATCCTGGTTT
>MK649	GCCGTTTTGTGAAGGAGAAG	ACTGTCCATGGTGGTGATGA	>MK1335	GCACCGCCTTATGTGTTTCT	ACAGTGAGGGTGGTCTTTGG
>MK650	CAAATGATGCCCTACTGCT	TTGTGCCAATTCACAGGAAA	>MK1336	CAGAAACGAGAGCAGGATCA	GAGCGTTGTGGTTGTTGCTA
>MK651	GTTGCCTTGCCACTAACAT	TGAAGAGGGAGGAGAACCAC	>MK1337	TGCGAGAGCGAAAGAGAAAT	TCCAAAGAGAAATGGGATCG
>MK652	TGTTTGGTGGCTTCAAGATG	ATTCTTGGTTGTGGAGGTG	>MK1338	CCGTCTTCTCCTCCCTAT	CATTTCCGCTACCCATTGAC
>MK653	ACCGTCTGAGTCTGCCACT	GGCTCCAGTAGCATCAAAGG	>MK1339	CCCGTTGTATTTAGCTCTACC	ACTAACCCGAACGGAGTGTG

Tablo 8. Dizayn edilen markörler ve primer sekansları(Devam).

Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')	Markör ID	İleri Primer(5' → 3')	Geri Primer(3' → 5')
>MK654	CCAAAAGTACTACTTGGGAC A	ACATTGCTCAACCACCACAA	>MK1340	CACTGCGACAACAACGAAGT	ATTACCGCAAGCGAATTGAG
>MK655	TCATTCAGCCGAAACACAAA	GGGTGTGGTGGTGATTTC	>MK1341	ATCCTTCAACTCGCTGTTGC	TGCTCTGCCTCTCTCTCTC
>MK656	TACCAGAAATCGGCACACAA	GGGTGTCGACCACTAACCAG	>MK1342	ATCCTTCAACTCGCTGTTGC	GATCTCTGCCTCTGCCTCTG
>MK657	CGATCCCCAGCCCAACTA	CAGTCGGATTTTGATGAAAGG	>MK1343	GGTTTTGCCATCTACCAGA	GCCACAGATCCCAGAGAGAG
>MK658	GTTCTCCCGGGCAAATTTAT	CTGCAACTCTCCACACCT	>MK1344	CCTCTTCTCTCCCTTCC	CCCGTTGTGATTGTTGTGAG
>MK659	GAAGTGTGCCTTCAGGTTT	AGCCCTGGGCAATAGAAAT	>MK1345	TTGTCTCTAAGTCCCCGTTT	CGCCCACTAAACTCGATCTC
>MK660	ACTCTCAGGCTCAACGCTCA	TCGATCTGTGAACCACAAA	>MK1346	CCCCACACAAAGAGTCAACC	TTTCCGGCTGCCATATACA
>MK661	GCCCACTCCTCAGATCAAA	TTTCTCCCTCATCCCTTCT	>MK1347	GGTCGAAACGGTAAATCTTCA	AAAACCTGGGGACGAGAAAA
>MK662	ACAGGAGTTGAGGGCTTTGA	ATTGGGGTTGACAAAATGGA	>MK1348	TTTTCTCGTCCGTTTCTTCTC	CCGTTGTGATTGTTGTGAGG
>MK663	CTAGCTCTCCAGCCTCTCA	TTTGATGCCAAGAACCAGT	>MK1349	CCTCCACTTTTCAGTCCATGA	AATATGGGGCTTTGTTGTG
>MK664	CCTGTTTGCAGAAGCAGAAA	CCCAACATGGTTTCATAGGG	>MK1350	CCCAAACCACAAACAAGGAC	GCCTCTCTCTCCTTCATCA
>MK665	CCACATGCACCTACAACAGC	CCTTCTTTGCCTTGTTC	>MK1351	AGATCGACAGCAACCCAAA	TGCCATTAGAACCACCTTCC
>MK666	AAGGCAAAGAAGGGTTGTGA	GCATTTGCATTCTGTGATGG	>MK1352	TAATGCAGACCCAAACACCA	TGATCTTGGCCTTGACAGAA
>MK667	TGGAACAAGGCAAAGAAGG	CTGCTGGTGCACGAACTTTA	>MK1353	TCGGTCTTTCAGCCTTTCAC	AAACGCAAACCCCAACTGTA
>MK668	GAAATTGTTCTCTGGCTTTTCC	GGGCGTCCCTCAAATAAAAAT	>MK1354	GCTGTGTGGAGATTGGGATT	TGGGATCGGAAGTTAAAACG
>MK669	CCCTCAATGGAAGCTCTCTG	GGTGATCCCCAATTAGAGCA	>MK1355	GCTGTGTGGAGATTGGGATT	GTCAGCCCCCTCACATTTCAT
>MK670	CACCACCTTCTGTTTGCTCA	CTGAGCTCTGCATTTCCACA	>MK1356	TCACAGGTGGAGAGTGTGGA	CCAAGCCCCGTTACAAATTA
>MK671	AGTTGGGTTTGGGTGGAAT	ACCCATCAGCTACCATCGAC	>MK1357	ACAGCAGACGCAATGATGAG	AAAACCCACACACCCAAATC
>MK672	CCTATCACCACCAACGTTCA	AAAATGTCATAGCCGGTTCG	>MK1358	GATTTGGGTGTGTGGGTTTT	CCCAAACCAGACCAAGAGA
>MK673	CGTTGCTTTTCTTCCCTTGC	CGGGGATGAGTAGCAGACTT	>MK1359	AATTAGGGGACCCTTTTGGGA	GCTTCTTTTGTGCTGTGCTTC
>MK674	TCATGGCTAGTGCTTTTAGGG	CAACAGAAGGGCAATCACAA	>MK1360	TGTCTCATACATCCAAGCGTACA	CTCAAGACCCATCGGACACT
>MK675	TCGGATTAAGTACGGGCTGA	AGTGGAAGAGAGCAGTGGA	>MK1361	TGCACCGGTAAGAAAGACTTCA	GAGGAGAGATGGGGAAGAGG
>MK676	GGGCCCCACATTTAATTACC	ACCATTTTGTCCAGCCTCAC	>MK1362	ACCCAACCTTTCCTGCTGCT	CTGAGACACGGCCAACACTA
>MK677	GTGAGGCTGGACAAAATGGT	CCAGTTTGTCTAGGGGAGAG	>MK1363	GCGGAGAAGGCGATAATCTT	GGAACCTTAAGCATGAACGTG
>MK678	TTCACTTGCTCCTCCTCCTC	GGAAACAATGAGGTGGGTTTT	>MK1364	CCCTCTCCAACCTCTGTCT	ATTCTTGCCTCGGAATTG
>MK679	CAGACCCACCACAATCAGT	CCTTTCCGACGAGGTCTTTT	>MK1365	CAGATCAGGCCGAAACAAAC	TGCACTCGGAATTGTAGCAG
>MK680	GGGATGCAGAATTTGGGATA	CGGAGTGGAAAGAAAATCCA	>MK1366	AAGCGAAGCTCAAACTGAT	GACGAGAAGCAAAGGGAACA
>MK681	ATGCCATTGCAGCTTCTTCT	TCTCAGGGATGATGTGGTCA	>MK1367	TCCATCCAGTATGCCAGAA	AGGCTTGGACTTGAACATGC
>MK682	CACGGTAAGATCAGCAAGCA	GGAACCTCATGCAATAAGGGTGA	>MK1368	GTTCTGCGTTGCCCTTTTCTC	CACATCCATATGCCACAGGT
>MK683	GGTGCTTTTTCGCTGTCTAGG	AGCACAGAGAGGCAGAGGAG	>MK1369	CCCCTCTCTCCAAAACCTCT	GCAGAAGCAACATGCACAAT
>MK684	TTGTGCATGTGCATGAAGGT	GTCAATACCCGAACCACCAC	>MK1370	ATTGTGCATGTTGCTTCTGC	TGATCCTTTGGGCAAATCTT
>MK685	ACCACCTCCACCACAAGTTC	ATTGGTTGGTTGCTCAAAGG	>MK1371	AAGATTTGCCAAAGGATCA	TTGTGCCATGCTTGGTATTT
>MK686	TTGCAGAAAGCCAGAAACCT	CCGATCTGAATCGAAGGAAG	>MK1372	CTTCCCCGTCAATTCCTTCT	CGTCCACCATGTCGTAGGTT

4.3. Tür İçi ve Türler Arası Markör Haritalaması, Polimorfik Fonksiyonel Markörlerin Protein Anotasyonu ve 3D Modellemeleri

4.3.1. Tür İçi Markör Haritalama

GMATA programı, e-mapping modülü kullanılarak şeftali cDNA'larıyla yapılan e-mapping sonucunda haritalanan markör sayısı 1372 olduğu ve bu markörlerden 1342 adedinin cDNA sekansları içinde eşsiz olduğu Tablo 9 'da gösterilmiştir.

Tablo 9. e-PCR sonunda gözlemlenen markör alel sayıları.

Alel Sayısı	Markör Sayısı
1	1342
2	26
6	1
3	1
5	1
4	1
Toplam	1372

Şeftali kromozomları üzerinde yapılan e-mapping sonucunda her bir kromozomda haritalanan markörlerin sayıları alel sayılarıyla birlikte Tablo 10'da verilmiştir. Haritalanan markör sayısı en fazla olan kromozom 1'de 294; markör sayısı en az olan kromozom 4'te ise 52 markör olduğu görülmektedir. Şeftalinin 8 kromozomunda haritalanan toplam markör sayısı 1382 olarak tespit edilmiştir. Şeftali cDNA'ları ile yapılan e-mapping sonucuyla karşılaştırıldığında, şeftali kromozomları üzerinde yapılan haritalama sonucunda daha fazla markörün haritalandığı ve alel sayılarının da daha fazla olduğu görülmektedir.

Tablo 10. e-PCR sonuçlarına göre *P.persica* kromozom numaraları, alel ve markör sayıları.

Kromozom Numarası	Alel Sayısı	Markör Sayısı
1	1	292
	3	1
	4	1
	7	1
2	1	186
	2	6
	7	1
3	3	1
	1	150
	4	1
4	3	1
	1	51
	7	1

Tablo 10. e-PCR sonuçlarına göre *P.persica* kromozom numaraları, alel ve markör sayıları(Devam).

Kromozom Numarası	Alel Sayısı	Markör Sayısı
5	1	181
	32	1
6	1	219
	2	5
	5	1
	3	1
7	1	145
	2	3
	4	1
8	1	130
	2	2
	5	1
Toplam	-	1382

Şeftali kromozomları üzerinde yapılan e-mapping sonucunda markörlere ait bilgilere <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.19641444> adresinden erişilebilir.

Tablo 11’de şeftali 1. kromozom üzerinde yapılan e-mapping sonuçlarından on marköre ait bilgiler verilmiştir. Her bir marköre ait aleller arasındaki fark o markörün splicing bölgesinde olup olmadığı hakkında bilgi vermektedir. MK144 ve MK227 markörlerine bakıldığında şeftali genomunda sırasıyla 1790, 2000 baz çifti ve cDNA’da 244, 233 baz çiftinde ampikon verdiği görülmektedir. Haritalama analizleri sonucunda hesaplanan alel büyüklükleri arasında gözlemlenen fark, markörlerin ekson-intron bağlantı bölgesine denk geldiğini göstermektedir. Tablo 11’de listelenen diğer markörlere bakıldığında, bu markör lokusların splicing bölgesine denk gelmediği görülmektedir.

Böylece transkript edildiğine, yani genomun kodlayan bölgelerini temsil ettiğine emin olunan moleküler markör geliştirmek için cDNA sekanslarının kullanımının doğru bir strateji olduğu görülmektedir.

Tablo 11. *Prunus persica* kromozom 1’deki on adet marköre ait haritalama bilgileri.

Markör	Başlama Pozisyonu	Bitiş Pozisyonu	Alel Boyutu
>MK1012	17704697	17705004	308/249
>MK1012	37341061	37341370	310/249
>MK1158	24342053	24342206	154/160
>MK129	31029314	31029616	303/213
>MK130	28178190	28178404	215/215
>MK131	27824050	27824278	229/229
>MK144	47482884	47484673	1790/244
>MK239	32624177	32624816	640/192
>MK277	3349775	3351774	2000/233
>MK278	18755252	18755457	206/206

4.3.2. Türler Arası Markör Haritalama

Badem (*Prunus dulcis*) haploid kromozom seti sekanslarında haritalama yapıldığında Tablo 12’de de görüldüğü üzere en yüksek sayıda markör kromozom 1’de (171 markör); en düşük sayıda markör ise kromozom 4’de (37 markör) haritalanmıştır. Kromozom 4 ve kromozom 6’da haritalanan markörlerin tamamının tek alel ürettikleri görülmektedir. Badem genomunda 8 kromozom için toplamda 740 adet markör lokus haritalanmıştır.

Tablo 12. e-PCR sonuçlarına göre *P.dulcis* kromozom numaraları, alel ve markör sayıları.

Kromozom Numarası	Alel Sayısı	Markör Sayısı
1	1	170
	2	1
2	1	95
	2	1
3	1	74
	2	1
4	1	37
5	1	90
	2	1
6	1	121
7	1	85
	2	2
8	1	60
	2	2
Toplam	-	740

Badem kromozomlarında yapılan e-mapping sonucunda türler-arası transfer edilebilir olduğu tespit edilmiş olan markörlere ait bilgilere <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.19641453> adresinden erişilebilmektedir. E-mapping ile, splicing bölgelerine denk gelen ve gelmeyen markörler tespit edilebilmektedir. Kromozom 1’deki on marköre ait haritalama bilgileri Tablo 13’te verilmiştir.

MK144 markörüne ait alelere bakıldığında *P. dulcis* genomunda 1774, cDNA sekanslarında ise 244 baz çiftinde amplikon verdiği görülmektedir. Alel büyüklükleri arasındaki fark markör lokusun ekson-intron bölgesinde konumlandığını göstermektedir. e-mapping sonucunda cDNA’ların genomda oluşturduğu amplikon büyüklüğüne göre markör seçimi yapılabilmektedir.

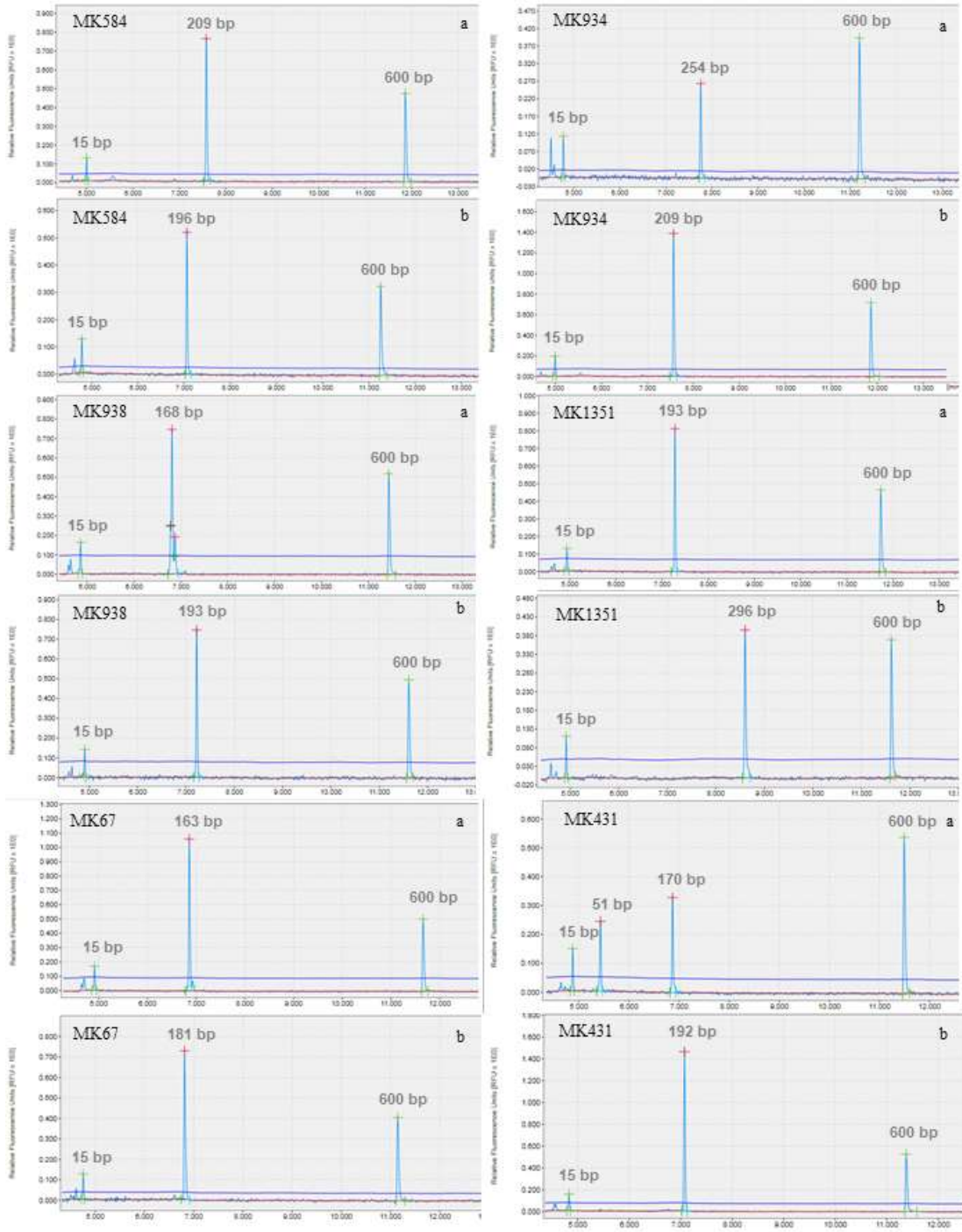
Tablo 13. *Prunus dulcis* kromozom 1'deki on marköre ait haritalama bilgileri.

Markör	Başlama Pozisyonu	Bitiş Pozisyonu	Alel Boyutu
>MK1012	2032316	2032564	249/249
>MK1025	15539837	15540064	228/224
>MK131	24382595	24382865	271/229
>MK132	24378432	24378614	183/216
>MK133	42549948	42550045	98/119
>MK134	30547914	30548121	208/220
>MK135	30548139	30548376	238/245
>MK144	43577991	43579764	1774/244
>MK157	30759037	30759723	687/218
>MK166	40001656	40001847	192/197

4.3.3. Markör Dizaynı ve Haritalama Süreçlerinin Deneysel Doğrulaması

E-mapping analizleri ile haritalanan markörlerden rastgele seçilen bir setin PCR amplifikasyonu ve yüksek çözünürlüklü kapiler elektroforez ile görüntülenmesi gerçekleştirilmiştir. PCR ürünlerinin görüntülenmesinde Qiaxcel High Resolution (yüksek çözünürlük) kapiler elektroforez protokolü kullanılmıştır. >MK584, >MK938, >MK67, >MK934, >MK1351, >MK431 markörleri sırasıyla 5, 6, 8, 6, 4 ve 5. kromozomlarda haritalanmıştır ve bu markörler için Şekil 2'de *Prunus persica* ve *Prunus dulcis*'e ait elektroferogram görüntüleri verilmiştir. Markörler tahmin edildiği gibi, e-mapping sonuçlarına benzer şekilde amplikonlar üretmiştir. Kapiler elektroforez analiz sonuçları biyoinformatik analiz iş akışını doğrulamaktadır.

Benzer çalışmalarda, yüksek verimli, *in silico* dizi anlamlandırma yaklaşımlarıyla tasarlanan SSR markörlerinin amplifikasyon başarısı, çeşitli araştırma grupları tarafından değerlendirilmiştir. Örneğin Liu ve ark. (2015) bir hıyar genom dizisinde 101,157 SSR lokusu tanımlamış, PCR analizleri sonucunda araştırmacılar %100'lük bir amplifikasyon başarı oranı bildirmişlerdir. Başka bir çalışmada, Dossa ve ark. (2017) susam genomunda 138,194 adet SSR lokusunu tanımlamış, *in silico* markör amplifikasyonu için e-PCR algoritmasını kullanmışlardır. PCR analizleri, %90'ın üzerinde amplifikasyon başarısının sağlanabildiğini göstermiştir.



Şekil 2. Her bir markör için, a. *P. dulcis*, b. *P. persica* genomlarından çoğaltılan markör fragmanlarına ait elektroferogram görüntüleri.

4.3.4. Polimorfik Fonksiyonel Markörlerin 3D Protein Modellemeleri

P.dulcis ve *P.persica* alel farklılıklarına göre polimorfik olduğu düşünülen 37 markör protein modellemesi analizlerinde kullanılmak üzere seçilmiştir. Markör listesi Tablo 14’te gösterilmiştir. Oluşan her bir protein sekansı ile 3D modelleme analizi Swiss Prot server’ı (<https://swissmodel.expasy.org/>) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Modellemelerde kullanılan homolog peptit modeli (template) anotasyonları ve açıklamaları Tablo 15’te verilmiştir. 3D yapıdaki değişimleri belirlemek için mikrosatellit tekrarlarında haritalama analizleri sonuçları doğrultusunda değişiklikler yapılmış ve Expsy’de peptit sekansına dönüştürülüp yeni modeller oluşturulmuştur.

Üç boyutlu protein yapıları, protein fonksiyonunun moleküler temeli hakkında değerli bilgiler sağlayarak, bölgeye yönelik mutajenez, hastalıkla ilgili mutasyon çalışmaları veya spesifik inhibitörlerin yapı tabanlı tasarımı gibi deneylerin etkili bir şekilde tasarlanmasına olanak tanır (Schwede ve ark. 2003).

Mevcut tüm teorik yaklaşımlar arasında karşılaştırmalı modelleme, amino asit dizisinden (Marti-Renom ve ark, 2000; Tramontano ve ark. 2001) bir proteinin (hedef) 3 boyutlu modelini güvenilir bir şekilde oluşturabilen tek yöntemdir. Başarılı model oluşturma, hedef diziye önemli bir amino asit dizisi benzerliğine sahip, deneysel olarak çözülmüş en az bir 3D yapı (şablon/template) gerektirir (Schwede ve ark. 2003).

Tablo 14. Seçilen markörler, *P.dulcis* ve *P. persica* için alelleri ve cDNA’ları.

Markör	<i>P.dulcis</i> / <i>P. persica</i> alel	cDNA (Sekans ID)
<i>Kromozom 1</i>		
>MK1025	228/224	ONI01895
>MK145	230/234	ONI28011
>MK212	258/248	ONI35782
>MK229	232/228	ONI32592
>MK249	165/168	ONI31938
<i>Kromozom 2</i>		
>MK674	214/202	ONI22285
>MK705	213/223	ONI25952
>MK707	211/213	ONI24630
>MK789	210/207	ONI25028
>MK739	223/232	ONI23165
<i>Kromozom 3</i>		
>MK102	221/235	ONH89910
>MK1034	221/236	ONI16522
>MK1110	88/104	ONI17694
>MK1144	170/154	ONI15778
>MK1150	167/178	ONI15419
<i>Kromozom 4</i>		
>MK1351	196/225	ONI09871
>MK1360	191/227	ONI10831

Tablo 14. Seçilen markörler, *P. dulcis* ve *P. persica* için alelleri ve cDNA'ları (Devam).

Markör	<i>P. dulcis</i> / <i>P. persica</i> alel	cDNA(Sekans ID)
<i>Kromozom 5</i>		
>MK431	171/192	ONI07610
>MK443	130/190	ONI08563
>MK503	183/157	ONI07853
>MK552	241/231	ONI08396
>MK584	208/195	ONI09100
<i>Kromozom 6</i>		
>MK934	254/214	ONI01851
>MK938	167/193	ONI03149
>MK971	227/239	ONI02712
>MK980	235/250	ONI02399
>MK999	221/230	ONI01151
<i>Kromozom 7</i>		
>MK1259	173/182	ONH96745
>MK1284	186/246	ONH94915
>MK1290	175/181	ONH96571
>MK1318	223/241	ONH97398
>MK1321	232/246	ONH96015
<i>Kromozom 8</i>		
>MK101	241/235	ONH90511
>MK108	207/235	ONH93784
>MK116	144/154	ONH93822
>MK122	227/243	ONH93351
>MK67	160/170	ONH93745

Tablo 15. Seçilen markörler, buldukları kromozom, template'leri ve template tanımları.

Kromozom	Markör	Template	Template İsmi	Template Tanımı
1	>MK1025	3gcc.1	ATERF1	Solution structure of the GCC-Box binding domain, NMR, 46 structures
1	>MK145	3p86.1	Serine/threonine-protein kinase CTR1	Crystal structure of CTR1 kinase domain mutant D676N in complex with staurosporine
1	>MK212	6g11.1	Microphthalmia-associated transcription factor	MITF/CLEAR box structure
1	>MK229	5gnj.3	Transcription factor MYC2	Structure of a transcription factor and DNA complex
1	>MK249	6j4k.1	Protein Phosphate Starvation Response 1	Structural basis for the target DNA recognition and binding by the MYB domain of phosphate starvation response 1
2	>MK674	6zmv.1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I	Structure of a human 48S translational initiation complex
2	>MK705	6psi.1	Chaperone protein DnaJ 2	Structural Basis for Client Recognition and Activity of Hsp40 Chaperones
2	>MK707	6mol.1	Monoextended DARPin R12 (M_R12)	Monoextended DARPin M_R12 complex with EpoR
2	>MK789	5wjq.1	Zinc finger protein 568	mouseZFP568-ZnF2-11 in complex with DNA
2	>MK739	6kyw.1	Receptor protein kinase SRK8	S8-mSRK-S8-SP11 complex

Tablo 15. Seçilen markörler, buldukları kromozom, template'leri ve template tanımları (Devam).

Kromozom	Markör	Template	Template İsmi	Template Tanımı
3	>MK102	7crc.1	NAD ⁺ hydrolase (NADase)	Cryo-EM structure of plant NLR RPP1 tetramer in complex with ATR1
3	>MK1034	6ueo.2	TATA-box-binding protein 1	Structure of <i>A. thaliana</i> TBP-AC mismatch DNA site
3	>MK1110	5u6o.1	Potassium/sodium hyperpolarization-activated cyclic nucleotide-gated channel 1	Structure of the human HCN1 hyperpolarization-activated cyclic nucleotide-gated ion channel
3	>MK1144	6zfv.1	Endothelial transcription factor GATA-2	Solution NMR structure of human GATA2 N-terminal zinc finger domain
3	>MK1150	4a9a.1	Ribosome-Interacting GTPase 1	Structure of Rbg1 in complex with Tma46 dfrp domain
4	>MK1351	6fqj.1	Homeobox protein TGIF1	Crystal structure of TALE homeobox domain transcription factor TGIF1 double alanine mutant bound to its consensus DNA
4	>MK1360	4ox0.2	Developmental protein SEPALLATA 3	Crystal structure of the keratin-like domain from the MADS transcription factor Sepallata 3
5	>MK431	4rs9.1	Transcription factor MYC3	Structure of Myc3 N-terminal JAZ-binding domain [44-238] in complex with Jas motif of JAZ9
5	>MK443	4q5j.1	Protein Brassinosteroid Insensitive 1	Crystal structure of SeMet derivative BRI1 in complex with BKI1
5	>MK503	4oe1.1	Chloroplast pentatricopeptide repeat protein 10	Crystal structure of the pentatricopeptide repeat protein PPR10 (C256S/C430S/C449S) in complex with an 18-nt PSAJ rna element
5	>MK552	5byy.1	Mitogen-activated protein kinase 7	Erk5 In complex with small molecule
5	>MK584	1ofc.1	ISWI protein	Nucleosome recognition module of ISWI ATPase
6	>MK934	2jmw.1	DNA binding protein GT-1	Structure of DNA-Binding Domain of Arabidopsis GT-1
6	>MK938	4m59.1	Chloroplast pentatricopeptide repeat protein 10	Crystal structure of the pentatricopeptide repeat protein PPR10 in complex with an 18-nt psaj RNA element
6	>MK971	4h22.1	Leucine-rich repeat flightless-interacting protein 1	Crystal structure of the dimeric coiled-coil domain of the cytosolic nucleic acid sensor LRRFIP1
6	>MK980	1wh5.1	ZF-HD homeobox family protein	Solution structure of homeobox domain of Arabidopsisthaliana zinc finger homeobox family protein

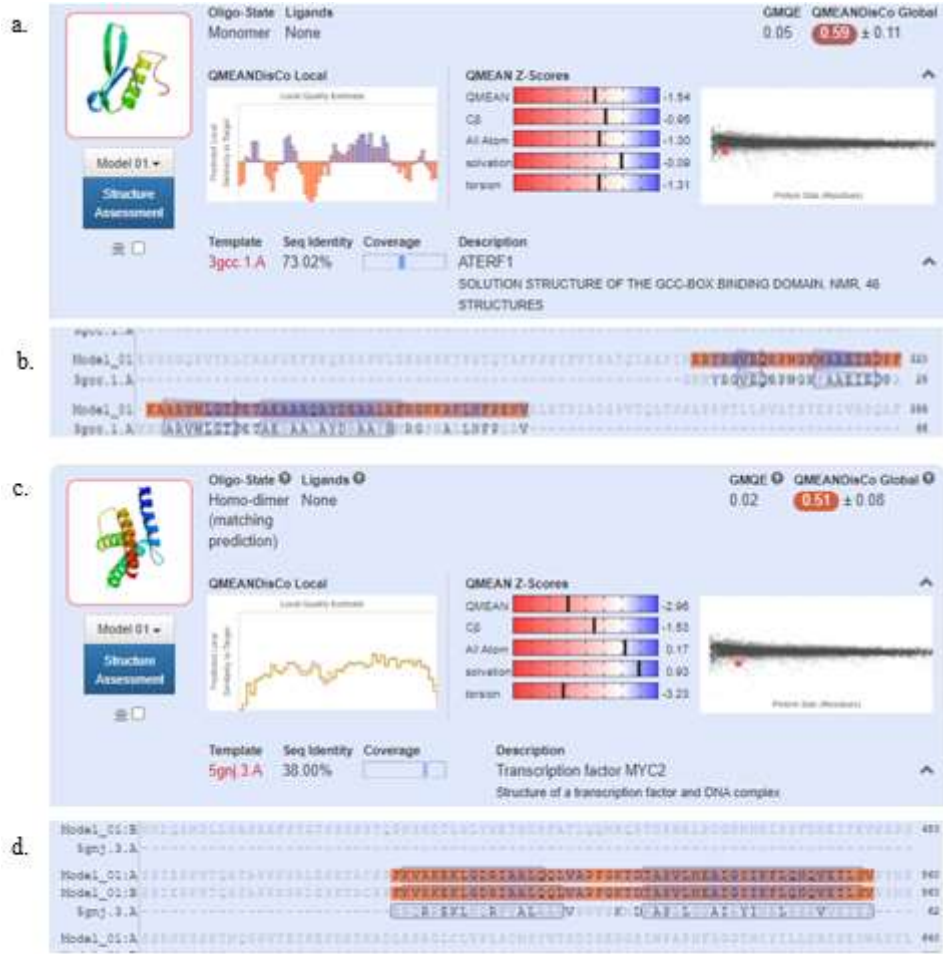
Tablo 15. Seçilen markörler, buldukları kromozom, template'leri ve template tanımları(Devam).

Kromozom	Markör	Template	Template İsmi	Template Tanımı
6	>MK999	5i9f.1	pentatricopeptide repeat protein dPPR-U10	Crystal structure of designed pentatricopeptide repeat protein dPPR-U10 in complex with its target RNA U10
7	>MK1259	5zd4.1	Maltose-binding periplasmic protein, Protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1	Crystal structure of MBP-fused BIL1/BZR1 in complex with double-stranded DNA
7	>MK1284	4i1k.1	B3 domain-containing transcription factor VRN1	Crystal Structure of VRN1 (Residues 208-341)
7	>MK1290	5ly0.1	LOB family transfactor Ramosa2.1	Crystal structure of LOB domain of Ramosa2 from Wheat
7	>MK1318	6xgw.1	Mutator family transposase	ISCth4 transposase, pre-reaction complex, PRC
7	>MK1321	3ulx.1	Stress-induced transcription factor NAC1	Crystal structural of the conserved domain of Rice Stress-responsive NAC1
8	>MK101	3ulx.1	Stress-induced transcription factor NAC1	Crystal structural of the conserved domain of Rice Stress-responsive NAC1
8	>MK108	6ycq.1	Auxin response factor 1	Crystal structure of the DNA binding domain of Arabidopsis thaliana Auxin Response Factor 1 (AtARF1) in complex with High Affinity DNA
8	>MK116	5elh.1	RING finger protein unkempt homolog	Crystal structure of mouse Unkempt zinc fingers 1-3 (ZnF1-3), bound to RNA
8	>MK122	2l1o.1	Transcriptional regulator SUPERMAN	Zinc to cadmium replacement in the A. thaliana SUPERMAN Cys2His2 zinc finger induces structural rearrangements of typical DNA base determinant positions
8	>MK67	2zsh.1	Probable gibberellin receptor GID1L1	Structural basis of gibberellin(GA3)-induced DELLA recognition by the gibberellin receptor

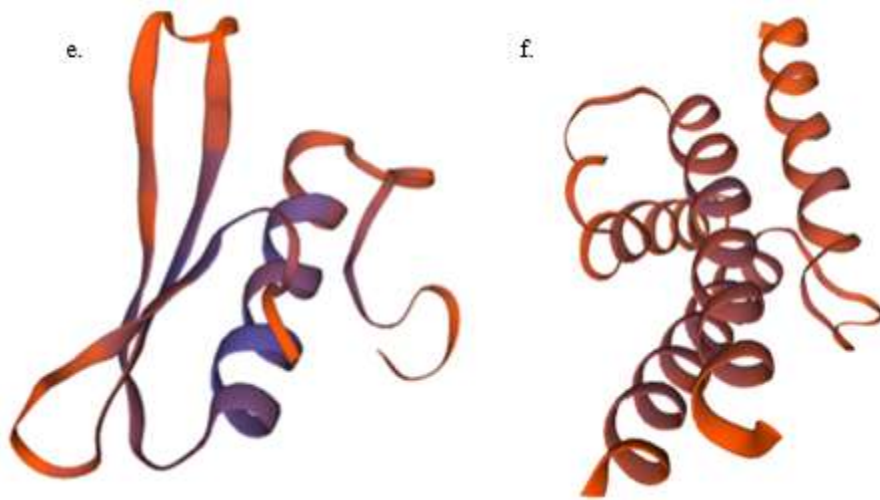
Protein yapısı tahmininde, genellikle daha sonra nihai modelin seçilmesi gereken önemli sayıda alternatif model üretilir. Bu nedenle, alternatif modeller topluluğu içindeki en iyi modelin tanımlanması için bir puanlama işlevi, çoğu protein yapısı tahmininin önemli bir bileşenidir. Kalitatif Model Enerji Analizi anlamına gelen QMEAN, protein yapılarının ana geometrik yönlerini tanımlayan bileşik bir puanlama işlevidir. Ana geometri, ardışık üç amino asit üzerinde yeni bir tür burulma açısı potansiyeli ile analiz edilir. QMEAN, puanlama fonksiyonunun yerel yapıyı belirleme ve iyiyi kötü modellerden ayırt etme yeteneğini tanımlayan neredeyse tüm kalite ölçütlerinde istatistiksel olarak anlamlı bir gelişme gösterir (Benkert ve ark. 2008). GMQE ve

QMEANDisCo global, 0 ile 1 arasında genel bir model kalitesi ölçümü verir ve daha yüksek sayılar daha yüksek beklenen kaliteyi gösterir (Biasini ve ark. 2014).

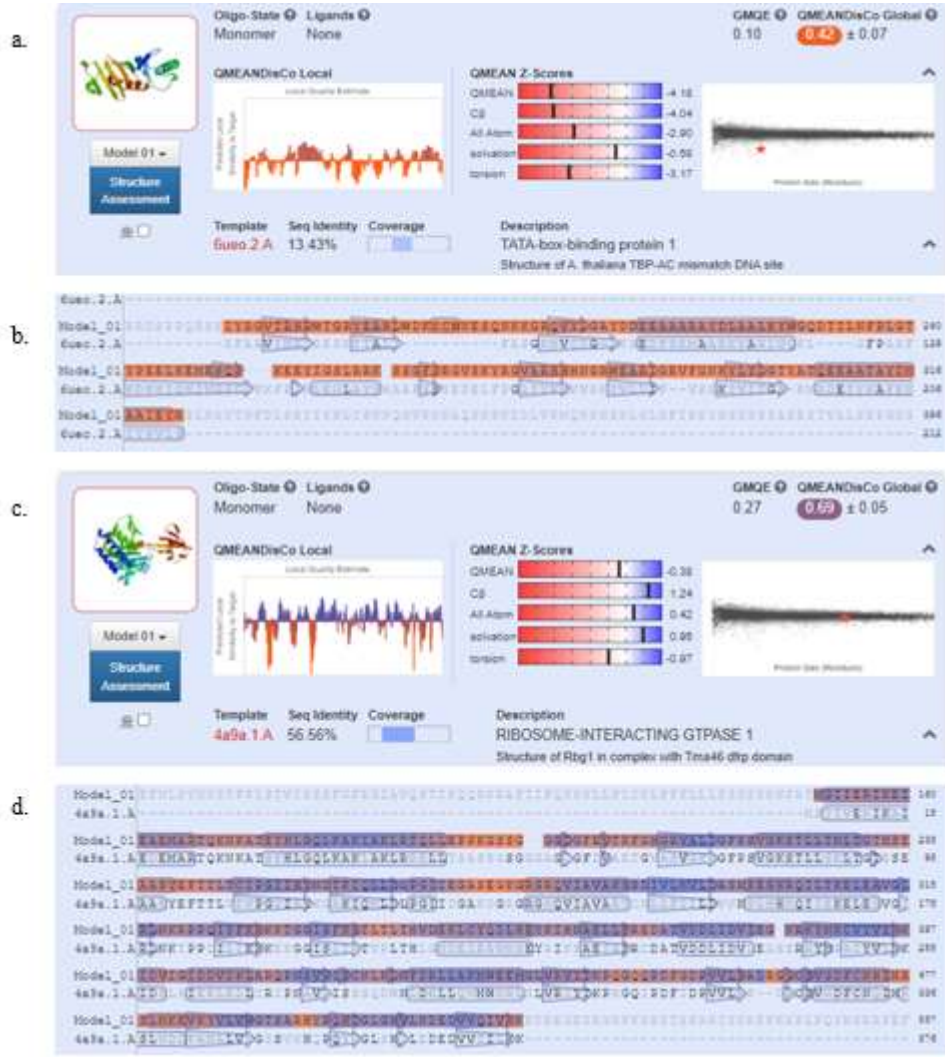
Ek olarak “sequence identity” değeri %30'un altına düştüğünde dizi ve yapı benzerliği arasındaki ilişki giderek dağıldığından, dizi kimliği temelinde model kalite tahmininin güvenilir hale geldiği (Rost 1999; Baker ve Sali, 2001) bilinmektedir. Markörlere ait değerler ve 3D protein modellemeleri Şekil 3, Şekil 4, Şekil 5, Şekil 6, Şekil 7, Şekil 8, Şekil 9, Şekil 10, Şekil 11, Şekil 12, Şekil 13, Şekil 14, Şekil 15, Şekil 16, Şekil 17, Şekil 18 ve Ek1'de verilmiştir. Yukarıda bahsedilen bilgiler doğrultusunda sonuçlara bakıldığında homolojisi düşük olan markörler olduğu gibi yüksek seviyede homoloji gösteren markörlerin de olduğu belirlenmiştir. Homoloji-temelli 3D protein modellemesi mevcut en güvenilir modelleme yöntemi olmakla birlikte, modelleme güvenilirliğinin modellenen peptit sekansı ile çok yüksek seviyede homoloji gösteren bir modelin önceden oluşturulmuş olmasına dayandığı unutulmamalıdır.



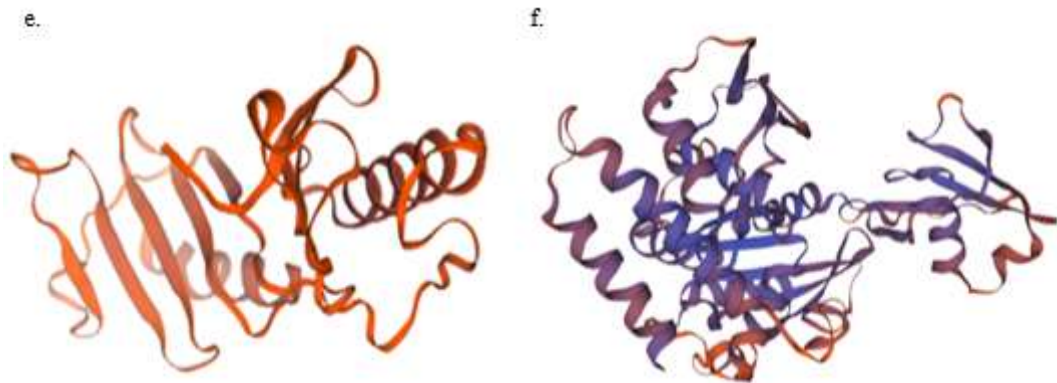
Şekil 3. Kromozom 1 üzerinde haritalanan >MK1025 ve >MK229 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1025 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK229 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



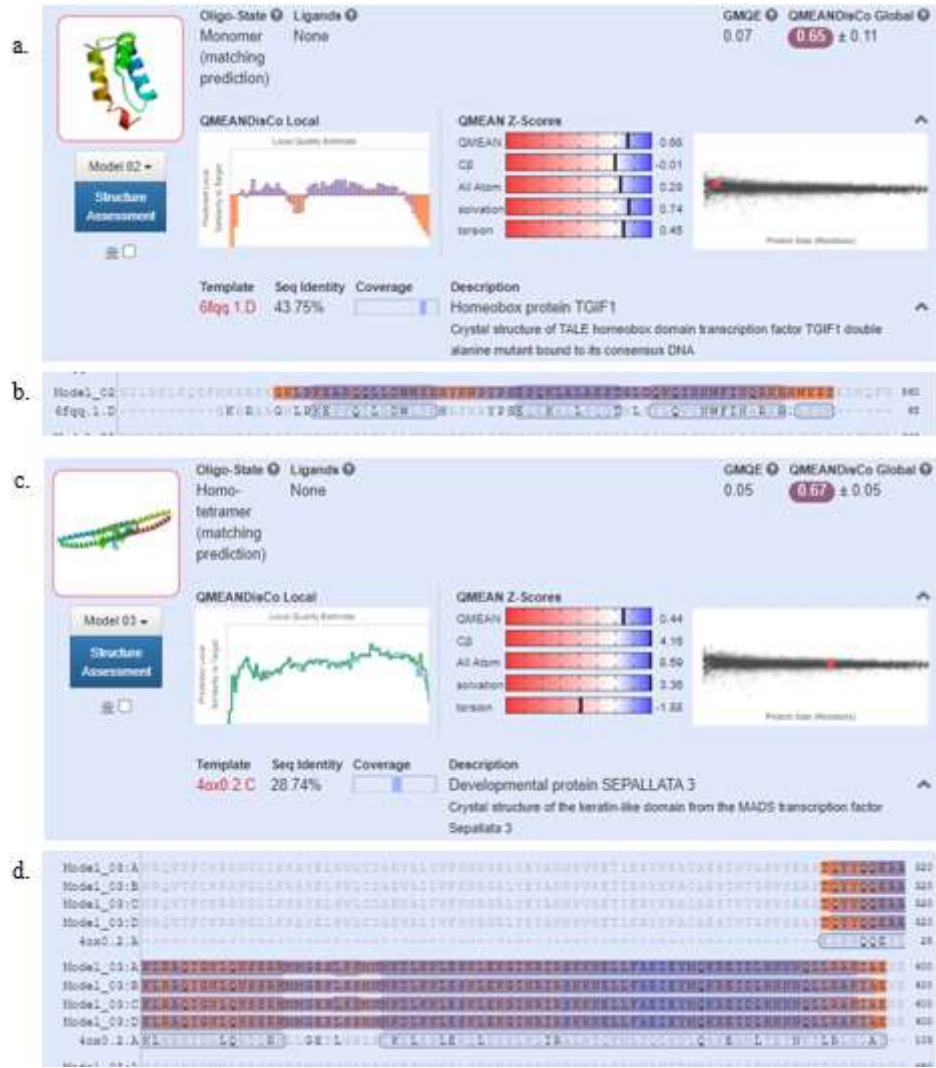
Şekil 4. e. >MK1025 üç boyutlu modelleme, f. >MK229 üç boyutlu modelleme.



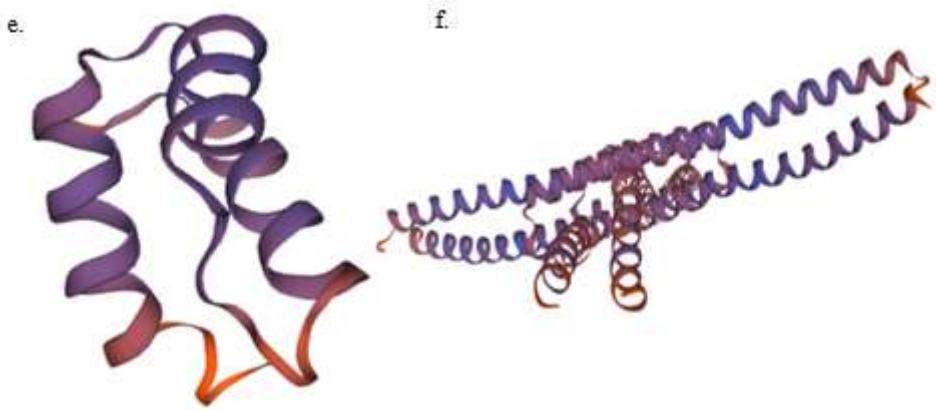
Şekil 7. Kromozom 3 üzerinde haritalanan >MK1034 ve >MK1150 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1034 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK1150 için; c. modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



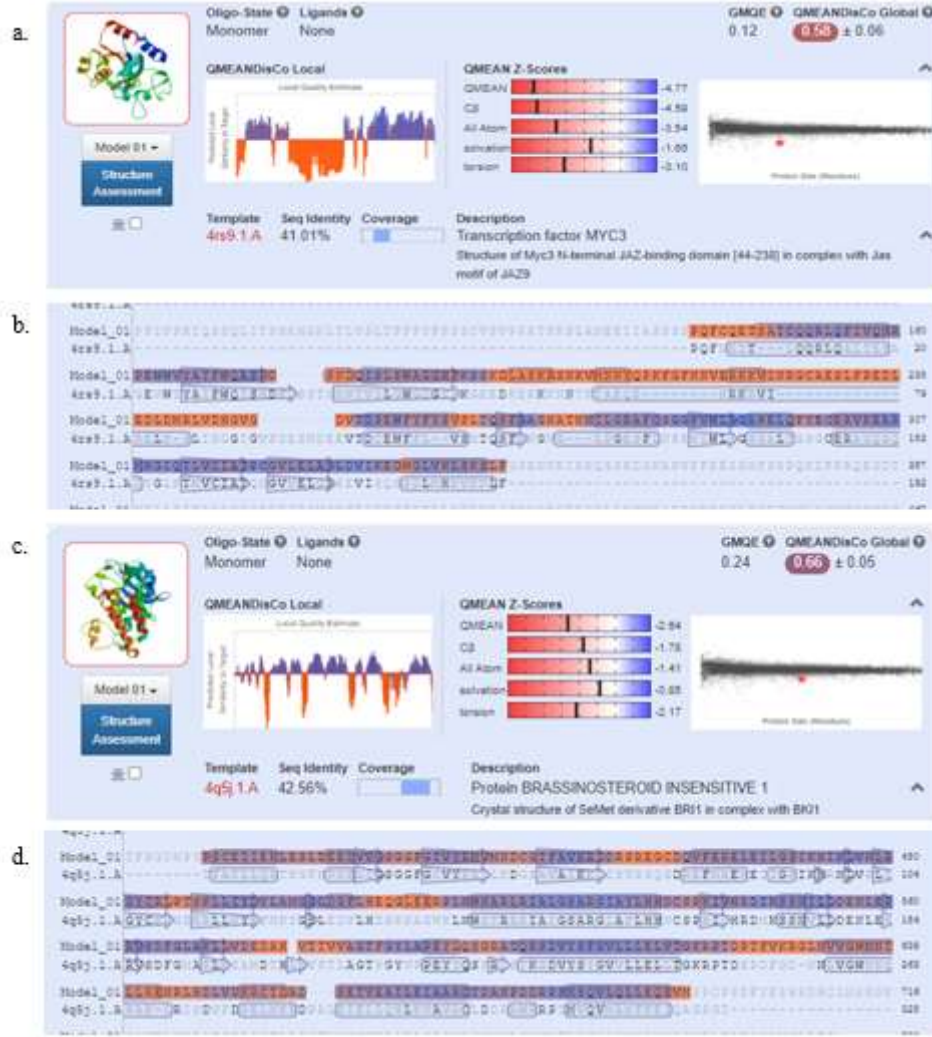
Şekil 8. e. >MK1034 üç boyutlu modelleme, f. >MK1150 üç boyutlu modelleme.



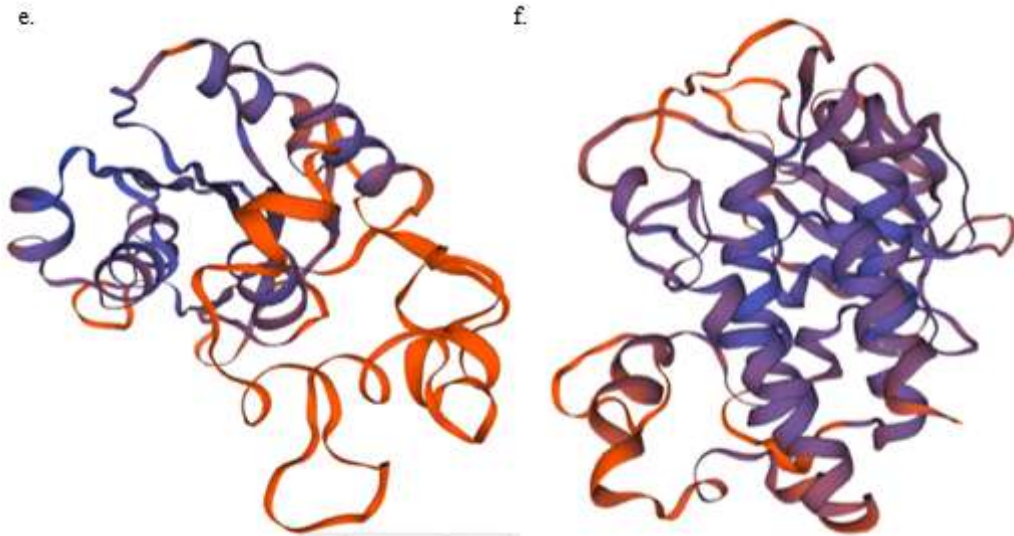
Şekil 9. Kromozom 4 üzerinde haritalanan >MK1351 ve >MK1360 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1034 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK1150 için; c. modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



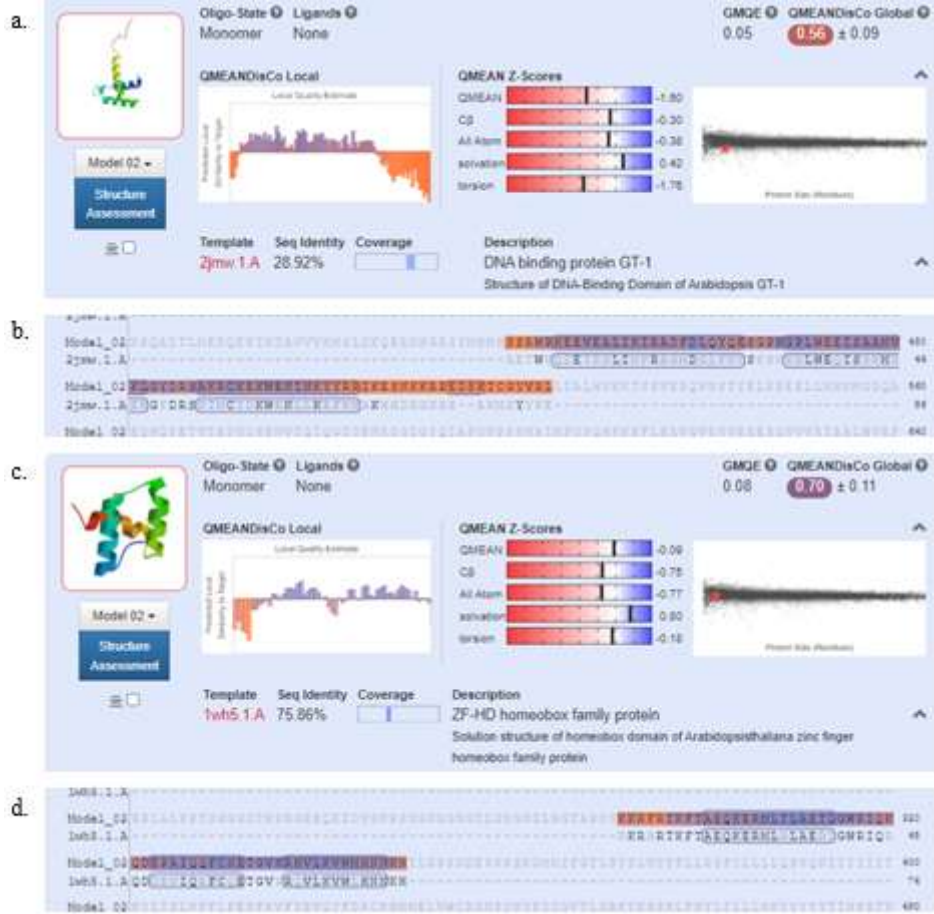
Şekil 10. e. >MK1351 üç boyutlu modelleme, f. >MK1360 üç boyutlu modelleme.



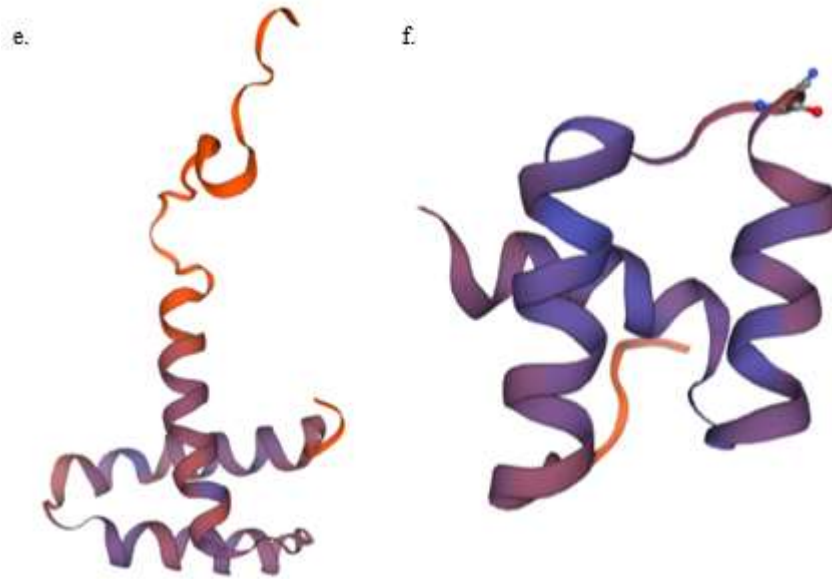
Şekil 11. Kromozom 5 üzerinde haritalanan >MK431 ve >MK443 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK431 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK443 için; c. modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



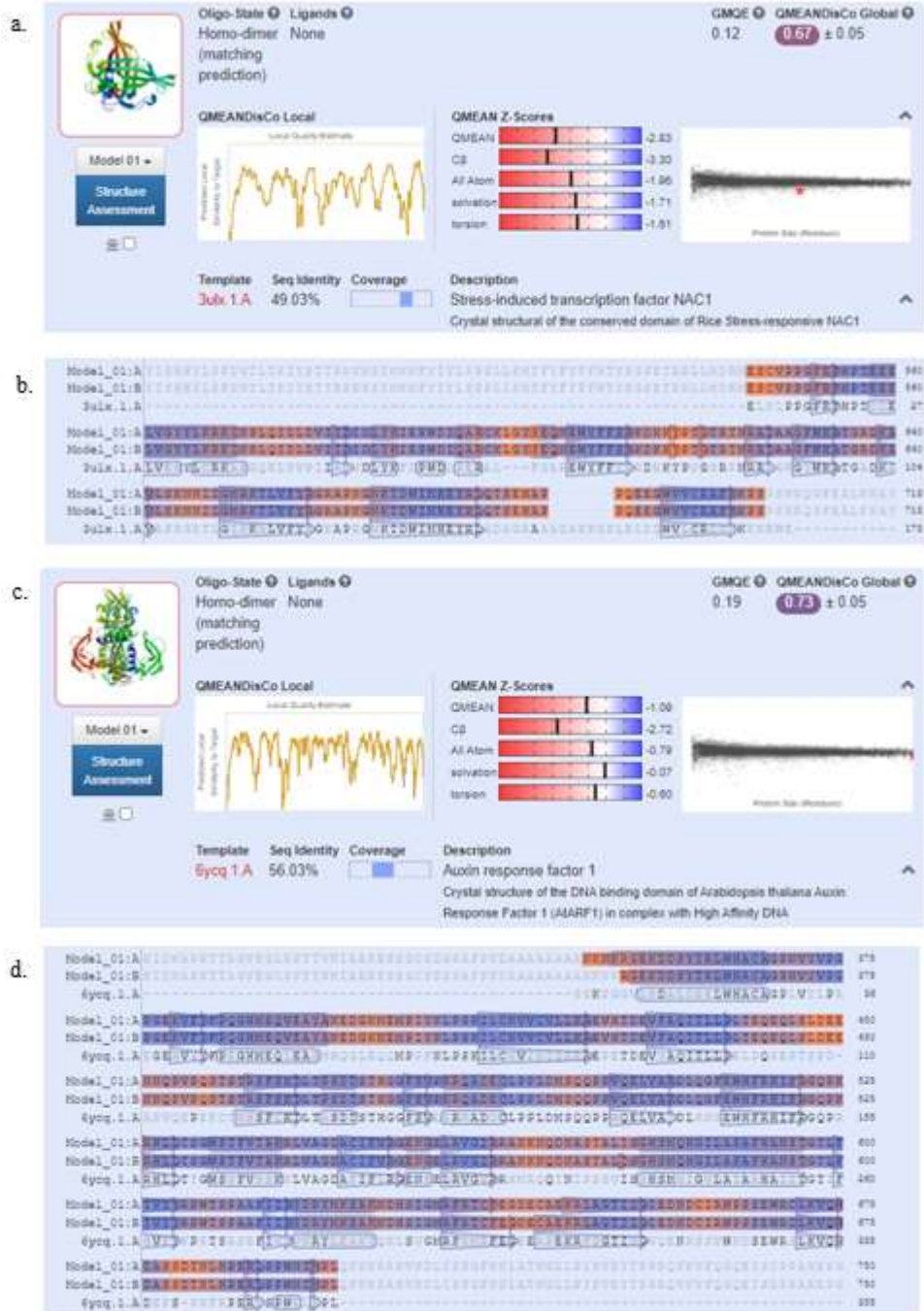
Şekil 12. e. >MK431 üç boyutlu modelleme, f. >MK443 üç boyutlu modelleme.



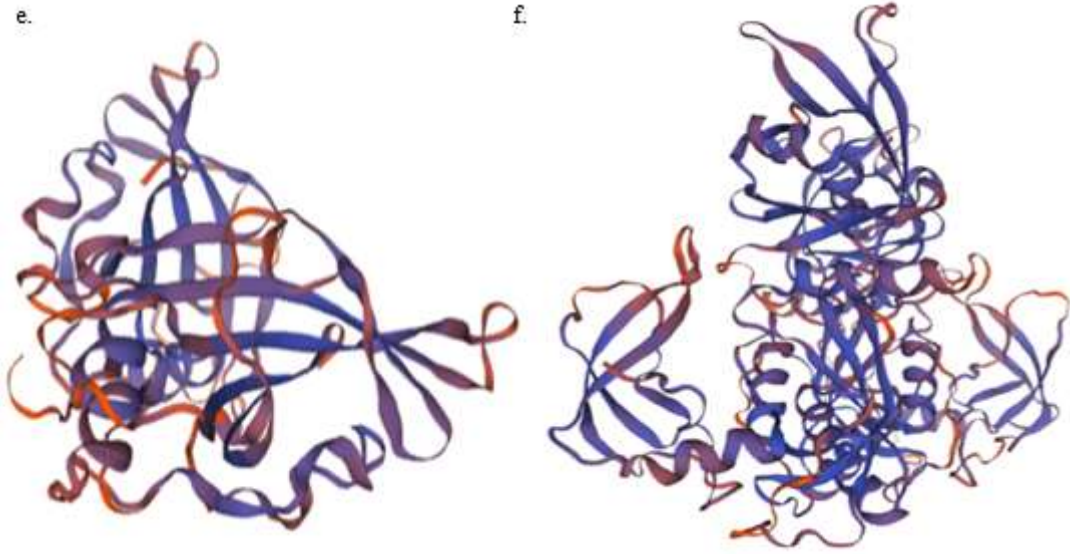
Şekil 13. Kromozom 6 üzerinde haritalanan >MK934 ve >MK980 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK934 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK980 için; c. modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



Şekil 14. e. >MK934 üç boyutlu modelleme, f. >MK980 üç boyutlu modelleme.



Şekil 17. Kromozom 8 üzerinde haritalanan >MK101 ve >MK108 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK101 için; a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK108 için; c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



Şekil 18. e. >MK101 üç boyutlu modelleme, f. >MK108 üç boyutlu modelleme.

>MK1025, >MK229, >MK1034, >MK1360, >MK431, >MK934, >MK980, >MK1284, >MK1321, >MK101, >MK108 markörlerine bakıldığında her biri için modelleme analizlerinde en yüksek skoru üreten model şablonların transkripsiyon faktörleri olduğu görülmektedir. Bu durum, bu markörlerin transkripsiyon faktörü kodlayan fonksiyonel markörler olduklarını doğrulamak bakımından önemlidir.

Bu markörlere ait sekanslarda SSR tekrarına bağlı değişimi görmek amacıyla nükleotit sayısında belirli modifikasyonlar uygulandığında elde edilen sonuçlar Tablo 16’da verilmiştir. Yapılan modifikasyon sonucundaki değerler karşılaştırıldığında model için hesaplanan QMEAN değerinin en fazla >MK1034 marköründe değiştiği belirlenmiştir. 15 CT tekrarının artmasıyla QMEAN değerinde 1.01’lik artış olduğu görülmektedir (Tablo 16). >MK980 marköründe 15 CT tekrarının artmasıyla 0.89’luk ve >MK431 marköründe ise 15 GA tekrarının artmasıyla 0.79’luk azalış olduğu görülürken GMQE değerinin yapılan modifikasyonlar sonunda değişmediği belirlenmiştir. Bununla birlikte, modelleme analizlerinde 3D biçim, dolayısı ile homolog template, ve/veya modelleme skorlarını etkilemeyen amino asit değişikliklerinin protein fonksiyonunda çok önemli değişikliklere neden olabildiği de bilinmektedir.

3. kromozomda bulunan >MK1110 marköründe 10 CT tekrarı azaldığında template değişikliği olduğu tespit edilmiştir. Marköre ait modelleme bilgileri Şekil 19 ve Şekil 20’de verilmiştir. Karşılaştırma yapıldığında modifikasyondan sonra QMEAN Z-Score bölümündeki değerlerin (“All atom” değeri hariç) arttığı, özellikle de QMEAN (-5.01,-2.70) değerinin 1’e daha yakın olduğu görülmektedir.

Tablo 16. Modifikasyon sonrası markörlerin modelleme değerlerindeki değişimler.

Markör ID	Template Ve Adı	Modifikasyon	Seq. Identity	QMEAN	GMQE	QMEAN Disco Global
>MK 1025	3gcc.1 ATERF1		%73.02	-1.54	0.05	0.59
		+15 AT	%73.02	-1.43	0.05	0.64
>MK 229	5gnj.3 Transcription factor MYC2		%38.00	-2.96	0.02	0.51
		+15 GA	%37.25	-3.03	0.02	0.48
>MK 1034	6ueo.2 TATA-box-binding protein 1		%13.43	-4.18	0.10	0.42
		+15 CT	%14.18	-3.87	0.10	0.43
>MK 1360	4ox0.2 Developmental protein SEPALLATA 3		%28.74	0.44	0.05	0.67
		+15 CT	%28.74	0.41	0.05	0.68
>MK 431	4rs9.1 Transcription factor MYC3		%41.01	-4.77	0.12	0.58
		+15 GA	%41.01	-5.56	0.12	0.55
>MK 934	2jmw.1 DNA binding protein GT-1		%28.92	-1.60	0.05	0.56
		+15 CCT	%28.92	-1.62	0.05	0.56
>MK 980	1wh5.1 ZF-HD homeobox family protein		%75.86	-0.09	0.08	0.70
		+15 CT	%72.13	-0.98	0.08	0.68
>MK 1284	4i1k.1 B3 domain-containing transcription factor VRN1		%34.48	-1.28	0.10	0.62
		+15 GAA	%32.43	-0.88	0.10	0.61
>MK 1321	3ulx.1 Stress-induced transcription factor NAC1		%39.05	-5.46	0.24	0.57
		+15 GA	%38.82	-5.52	0.24	0.57
>MK 101	3ulx.1 Stress-induced transcription factor NAC1		%49.03	-2.83	0.12	0.67
		+15 TA	%49.03	-2.88	0.12	0.66
>MK 108	6ycq.1 Auxin response factor 1		%56.03	-1.09	0.19	0.73
		+15 CCCT	%55.56	-1.11	0.19	0.73

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

5.1 Sonuçlar

Bu tez çalışmasında şeftali (*Prunus persica*) transkriptlerinden oluşan cDNA koleksiyonunda, BLASTx analizleri ile *Arabidopsis thaliana* ve *Oryza sativa* transkripsiyon faktörlerinin homologları tespit edilmiştir. Analiz sonuçlarına göre toplamda 5462 cDNA transkripsiyon faktörü transkripti olarak belirlenmiştir. 5462 adet transkripsiyon faktörü cDNA'sına karşılık gelen transkripsiyon faktörleri içinde en fazla görülen transkripsiyon faktörü ailesinin WRKY (1155) olduğu tespit edilmiştir. WRKY transkripsiyon faktörleri, bitkilerdeki en büyük transkripsiyonel düzenleyici ailelerden biridir ve birçok bitki sürecini modüle eden sinyal ağlarının ayrılmaz parçalarını oluşturur (Rushton ve ark. 2010).

Tespit edilen transkripsiyon faktörü cDNA sekanslarında GMATA yazılımı kullanılarak mikrosatellitler aranmıştır. GMATA programında yapılan markör tanımlama sonunda 2732 SSR markörü tanımlanmıştır. Markör dizaynı analizleri ile mikrosatellit lokusların amplifikasyonu için 1372 adet markör dizayn edilmiştir. Aynı zamanda şeftali genom sekansında gerçekleştirilen e-mapping analizleri ile 1382 adet markör şeftali genomunda, badem (*Prunus dulcis*) genomunda gerçekleştirilen türler-arası e-mapping analizleri sonucunda ise 740 adet markör badem genomunda haritalanmıştır. Böylece türler-arası transfer edilebilir markörlerin belirlenmesi de mümkün olmuştur. Markörlerin PCR amplifikasyonu ve kapiler elektroforez analizleri sonucunda gözlemlenen aleller e-mapping analizi sonuçları ile benzerlik göstermektedir ve çalışma iş akışının yüksek güvenilirlikte olduğunu desteklemektedir.

Polimorfik olduğu belirlenen markör lokusların kodladığı peptitlerin SWISS-Prot server'ı kullanılarak üç boyutlu (3D) protein modellemesi gerçekleştirilmiştir. Protein modelleme analizlerinde, 3D modellerin oluşturulmasında en yüksek skor üreten homoloji şablonlarının (template) yüksek oranda transkripsiyon faktörleri olduğu görülmektedir. Protein modelleme analizleri, çalışma kapsamında geliştirilen markörlerin genomun transkripsiyon faktörü kodlayan bölgelerini temsil eden fonksiyonel markörler olduklarını doğrulamıştır.

5.2 Öneriler

Çalışmada uygulanan cDNA sekansları üzerinden markör geliştirme yönteminin, geliştirilen markörlerin kodlayan bölgeleri temsil eden markörler olmasının garanti altına alınması bakımından önemli bir avantaj sağladığı görülmektedir. Çalışma kapsamında geliştirilen markörler genomun transkripsiyon faktörü kodlayan bölgelerinde konumlandıklarından, dolayısı ile gen ekspresyonu kontrolünde görevli proteinleri kodladıklarından, bu markörlerin polimorfizmleri, fenotipe etki etme olasılığı yüksek polimorfizmlerdir. Çalışmada tanıtılan markörler, oldukça önemli ve ekonomik değeri yüksek bir *Prunus* türü olan şeftalinin genomik ıslahı, önemli karakterleri kontrol eden genlerin haritalanması çalışmalarının yanı sıra, germplazm karakterizasyonu ve korunması, ve fidan sertifikasyonu çalışmalarında kullanılacak önemli moleküler kaynaklar oluşturmaktadır. Bu markörlerin badem genomuna da aktarılabilirliğinin gösterilmiş olması, karşılaştırmalı genomik analizler için de potansiyel genomik araçlar olduklarını göstermektedir.

6. KAYNAKLAR

- Abbott A, Georgi L, Yvergniaux D, Wang Y, Blenda A, Reighard G, Inigo M, Sosinski B. Peach: The model genome for Rosaceae. *Acta Hort*, 2002; 575: 145–155.
- Agarwal P, Kapoor S, Tyagi AK. Transcription factors regulating the progression of monocot and dicot seed development. *BioEssays*, 2011; 33: 189–202.
- Agarwal S, Nath AK. Characterisation of peach (*Prunus persica* L.) cultivars using isozymes as molecular markers. *Sci. Hort*, 2001; 90: 227-242.
- Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ. Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 1990; 215: 403–410.
- Altschul SF, Madden TL, Schäffer AA, Zhang J, Zhang Z, Miller W, Lipman DJ. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.* 1997; 25: 3389–3402.
- Aranzana MJ, Carbó J, Arús P. Microsatellite variability in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]: cultivar identification, marker mutation, pedigree inferences and population structure. *Theor. Appl. Genet*, 2003a; 106: 1341-1352.
- Aranzana MJ, García-Mas J, Carbó J, Arús P. Development and variability analysis of microsatellite markers in peach. *Plant Breed*, 2002; 121: 87-92.
- Aranzana MJ, Pineda A, Cosson P, Dirlwanger E, Ascasibar J, Cipriani G, Ryder CD, Testolin R, Abbott A, King GJ, Iezzoni, AF, Arús P. A set of simple-sequence (SSR) markers covering the *Prunus* genome. *Theor. Appl. Genet*, 2003b; 106: 819-825.
- Arulsekhar S, Parfitt DE, Kester DE. Comparison of isozyme variability in peach and almond cultivars. *J. Hered*, 1986; 77: 272-274.
- Aubert C, Bony P, Chalot G, Landry P, Lurol S. Effects of storage temperature, storage duration, and subsequent ripening on the physicochemical characteristics, volatile compounds, and phytochemicals of western red nectarine (*Prunus persica* L. Batsch). *J. Agric. Food Chem.* 2014; 62 (20): 4707–4724.
- Aubert C, Chalot G. Physicochemical characteristics, vitamin C, and polyphenolic composition of four European commercial blood-flesh peach cultivars (*Prunus persica* L. Batsch). *Journal of Food Composition and Analysis*, 2020; 86: 103337.
- Babu MM, Iyer LM, S. Balaji, L. Aravind. The natural history of the WRKY-GCM1 zinc fingers and the relationship between transcription factors and transposons. *Nucleic Acids Res*, 2006; 34: 6505–6520.

- Badenes ML, Parfitt DE. Phylogenetic relationships of cultivated *Prunus* species from an analysis of chloroplast DNA variation. ,1995; 90(7-8): 1035–1041.
- Baker D, Sali A. Protein structure prediction and structural genomics. *Science*, 2001; 294: 93–96.
- Bao JS, Corke H, Sun M. Microsatellites in starch synthesizing genes in relation to starch physicochemical properties in waxy rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 2002; 105:898–905.
- Bassi D, Mignani I, Spinardi A, Tura D. Nutritional composition of fruit cultivars. Elsevier, 2016; 535-571.
- Byrne DH, Bacon TA. Chilling estimation: Its importance and estimation. *The Texas Horticulturist*, 1992; 18: 5, 8-9.
- Bauer H, Ache P, Lautner S, Fromm J, Hartung W, Al-Rasheid KA et al. The stomatal response to reduced relative humidity requires guard cell-autonomous ABA synthesis. *Curr. Biol*, 2013; 23: 53–57.
- Ben-Ari G, Lavi U. Marker-assisted selection in plant breeding. Elsevier, 2012; 163-178.
- Benkert P, Tosatto SC, Schomburg D. QMEAN: a comprehensive scoring function for model quality assessment. *Proteins*, 2008; 71: 261–277.
- Bertrand CY, Mackill C, Mackill DJ. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 2008; 363: 557–572
- Bi YM, Wang RL, Zhu T, Rothstein SJ. Global transcription profiling reveals differential responses to chronic nitrogen stress and putative nitrogen regulatory components in *Arabidopsis*. *BMC Genomics*, 2007; 8: 281.
- Biasini M, Bienert S, Waterhouse A, Arnold K, Studer G, Schmidt T, Kiefer F, Cassarino TG, Bertoni M, Bordoli M, Schwede T. SWISS-MODEL: modelling protein tertiary and quaternary structure using evolutionary information. *Nucleic Acids Research*, 2014; 42: 252–258.
- Bielenberg DG, Wang Y, Li ZG, Zhebentyayeva T, Fan SH, Reighard GL et al. Sequencing and annotation of the evergrowing locus in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] reveals a cluster of six MADS-BOX transcription factors as candidate genes for regulation of terminal bud formation *Tree Genet. Genomes*, 2008; 4: 495–507.
- Birinci A, Er K. Bursa ili Karacabey ilçesinde organik ve konvansiyonel şeftali üretiminin ekonomik açıdan mukayesesi ve pazarlaması üzerine bir araştırma. *Tarım Ekonomisi Dergisi*. 2006a; 12(1): 19-30.

- Bonierbale MW, Plaisted RL, Tanksley SD. RFLP maps based on a common set of clones reveals models of chromosomal evolution in potato and tomato. *Genetics*, 1988; 120: 1095–103.
- Byrne D H, Littleton T G. Verification of the parentage of presumed peach × almond hybrids by isozyme analyses. *Fruit Varieties J*, 1988b; 42: 130-134.
- Camacho C, Coulouris G, Avagyan V, Ma N, Papadopoulos J, Bealer K, Madden TL. BLASTp: architecture and applications. *BMC Bioinformatics*, 2009; 10: 421.
- Cantin CM, Moreno MA, Gogorcena Y. Evaluation of the antioxidant capacity, phenolic compounds, and vitamin C content of different peach and nectarine [*Prunus persica* (L.) Batsch] breeding progenies. *J. Agric. Food Chem.* 2009a; 57 (11): 4586–4592.
- Chung AM, Staub JE, Chen JF. Molecular phylogeny of Cucumis species as revealed by consensus chloroplast SSR marker length and sequence variation. *Genome*, 2006; 49: 219–229.
- Cipriani G, Lot G, Huang WG, Marrazzo MT, Peterlunger E, Testolin R. AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]: Isolation, characterisation and cross-species amplification in *Prunus*. *Theor. Appl. Genet.*, 1999; 99: 65-72.
- Colombo L, Battaglia R, Kater MM. Arabidopsis ovule development and its evolutionary conservation. *Trends Plant Sci*, 2008; 13: 444–450.
- Cordeiro GM, Casu R, McIntyre CL, Manners JM, Henry RJ. Microsatellite markers from sugarcane (*Saccharum* spp.) ESTs across transferable to *Erianthus* and *Sorghum*. *Plant Sci*, 2001; 160:1115–1123.
- Delseny M, Laroche M, Penon P. Detection of sequences with Z-DNA forming potential in higher plants. *Biochem Biophys Res Commun*, 1983; 116:113–120.
- Dettori MT, Quarta R, Verde I. A peach linkage map integrating RFLPs, SSRs, RAPDs, and morphological markers. *Genome*, 2001; 44: 783-790.
- Di Natale C, Zude-Sasse M, Macagnano A, Paolesse R, Herold B, D'Amico A. Outer product analysis of electronic nose and visible spectra: Application to the measurement of peach fruit characteristics. *Analytica Chimica Acta*, 2002; 459:107–117.
- Dickson EE, Arumuganathan K, Kresovich S, Doyle JJ. Nuclear DNA content variation within the Rosaceae. *Am J Bot*, 1992; 79: 1081–1086.
- Dirlewanger E, Cosson P, Boudehri K, Renaud C, Capdeville G, Tauzin Y, Laigret F, Moing A. Development of a Second-Generation Genetic Linkage Map for Peach

- [*Prunus persica* (L.) Batsch] and Characterization of Morphological Traits Affecting Flower and Fruit. *The Genetics and Genomes*, 2006; 3: 1-13.
- Dirlewanger E, Crosson A, Poizat C, Aranzana MJ, Dettori M, Verde I, Quarta R, Arús P, Laigret L. Synteny within the *Prunus* genomes detected by microsatellite markers. *Acta Hort*, 2003; 633:177-187.
- Dirlewanger E, Graziano E, Joobeur T, Garriga-Calderé F, Cosson P, Howad W, Arús P. Comparative Mapping and Marker-Assisted Selection in Rosaceae Fruit Crops. *PNAS*, 2004; 101: 9891-9896.
- Dondini L, Lain O, Geuna F, Banfi R, Gaiotti F, Tartarini S, Bassi D, Testolin R. Development of a new SSR-based linkage map in apricot and analysis of synteny with existing *Prunus* maps. *Tree Genet. Gen*, 2007; 3: 239-249.
- Dossa K, Yu J, Liao B, et al. Development of highly informative genome-wide single sequence repeat markers for breeding applications in sesame and construction of a web resource: SisatBase. *Front Plant Sci*. 2017;8:1470
- Doyle JJ, Doyle JL. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 1990;12: 13–15.
- Dresselhaus T, Cordts S, Heuer S, Sauter M, Lorz H, Kranz E. Novel ribosomal genes from maize are differentially expressed in the zygotic and somatic cell cycles. *Mol Gen Genet*, 1999; 261:416–427.
- Du H, Zhang L, Liu L, Tang XF, Yang WJ, Wu YM, Huang YB, Tang YX Biochemical and molecular characterization of plant MYB transcription factor family. *Biochemistry*, 2009; 74:1–11.
- Dubos C, Stracke R, Grotewold E, Weisshaar B, Martin C, Lepiniec L. MYB transcription factors in *Arabidopsis*. *Trends Plant Sci*, 2010; 15: 573–581.
- Durham RE, Moore GA, Sherman WB. Isozyme banding patterns and their usefulness as genetic markers in peach. *J. Am. Soc. Hort. Sci*, 1987; 112: 1013-1018.
- Durst R, Weaver G. Nutritional Content of Fresh and Canned Peaches. *Journal of The Science of Food and Agriculture*. 2013; 93(3) : 593-603.
- Ellis JR, Burke JM. EST–SSRs as a resource for population genetic analyses. *Heredity*, 2007; 99: 125–132.
- Encinas-Villarejo S, Maldonado AM, Amil-Ruiz F, de los Santos B, Romero F, Pliego-Alfaro F, Muñoz-Blanco J, Caballero JL. Evidence for a positive regulatory role of strawberry (*Fragaria ananassa*) Fa WRKY1 and *Arabidopsis At WRKY75* proteins in resistance. *J. Exp. Bot*, 2009; 60: 3043–3065.

- Engindeniz S, Çukur F. İzmir ili Kemalpaşa ilçesinde şeftali üretiminin teknik ve ekonomik analizi üzerine bir araştırma. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi. 2003; 40(2): 65-72.
- Etienne C, Rothan C, Moing A, Plomion C, Bodenes C, SvanellaDumas L, Cosson P, Pronier V, Monet R, Dirlewanger E. Candidate genes and QTLs for sugar and organic content in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. *Theor. Appl. Genet*, 2002; 105:145-159.
- Eulgem T, Rushton PJ, Robatzek S, Somssich IE The WRKY superfamily of plant transcription factors. *Trends Plant Sci*, 2000; 5: 199–206
- Faust M, Timon B. Origin and dissemination of peach. *Hortic*, 1995; 17: 331–379.
- Fujita Y, Yoshida T, Yamaguchi-Shinozaki K. Pivotal role of the AREB/ABF-SnRK2 pathway in ABRE-mediated transcription in response to osmotic stress in plants. *Physiol. Plant*. 2013; 147: 15–27.
- Garvie CW and Wolberger C. Recognition of specific DNA sequences. *Molecular Cell*. 2001; 8: 937–946.
- Gebhardt C, Ritter E, Debener T ve ark. RFLP analysis and linkage mapping in *Solanum tuberosum*. *Theor Appl Genet*, 1989; 78: 65–75.
- Georgi LL, Wang Y, Yvergiaux D, Ormsbee T, Iñigo M, Reighard G, Abbott AG. Construction of a BAC library and its application to the identification of simple sequence repeats in peach [*Prunus persica* (L) Batsch]. *Theor. Appl. Genet*, 2002; 105:1151-1158.
- Gil MI, Tomás-Barberán FA, Hess-Pierce B, Kader AA. Antioxidant capacities, phenolic compounds, carotenoids, and vitamin C contents of nectarine, peach, and plum cultivars from California. *J. Agric. Food Chem*, 2002; 50 (17): 4976–4982.
- Giovannoni JJ. Genetic regulation of fruit development and ripening. *Plant Cell*, 2004; 16 (suppl.): S170–S180.
- Giraudat J, Hauge BM, Valon C, Smalle J, Parcy F, Goodman HM. Isolation of the *Arabidopsis* ABI3 gene by positional cloning. *Plant Cell*, 1992; 4: 1251–1261
- Gonzalez-Pech RA, Stephens TG, Cheong Xin Chan. Commonly misunderstood parameters of NCBI BLAST and important considerations for users. *Bioinformatics*, 2019; 35(15): 2697–2698
- Grattapaglia D, Sederoff R. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: mapping strategy and RAPD markers. *Genetics*, 1994; 137: 1121–37.

- Grotewold E, Drummond BJ, Bowen B, Peterson T. The mybhomologous P gene controls phlobaphene pigmentation in maize floral organs by directly activating a flavonoid biosynthetic gene subset. *Cell*, 1994; 76: 543–553
- Grover A, Sharma PC. Development and use of molecular markers: past and present. *Crit Rev Biotechnol*, 2014; 1–13.
- Gubler F, Kalla R, Roberts JK, Jacobsen JV. Gibberellin regulated expression of a myb gene in barley aleurone cells: evidence for Myb transactivation of a high-pI α amylase gene promoter. *Plant Cell*, 1995; 7: 1879–1891
- Gupta PK, Balyan HS, Sharma PC, Ramesh, B. Microsatellites in plants: A new class of molecular markers. *Curr. Sci*, 1996; 70: 45-54.
- Hamada HM, Petrino MG, Kakunaga T. A novel repeated element with Z-DNAforming potential is widely found in evolutionarily diverse eukaryotic genomes. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1982; 79: 6465–6469.
- Hancock JF, Scorza R, Lobos GA. Peaches, Temperate Fruit Crop Breeding, Springer, 2008; Chapter 9: 265-298.
- Hichri I, Barrieu F, Bogs J, Kappel C, Delrot S, Lauvergeat V. Recent advances in the transcriptional regulation of the flavonoid biosynthetic pathway. *J Exp Bot*, 2011; 62(8): 2465–2483.
- Hu J, Quiros CF. Identification of broccoli and cauliflower cultivars with RAPD markers. *Plant Cell Rep*, 1991; 10: 505–11.
- Infante R, Martínez-Gómez P, Predieri S. Quality oriented fruit breeding: Peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. *Journal Of Food Agriculture & Environment*, 2008; 6 (2): 342-356.
- Ito M, Araki S, Matsunaga S, Itoh T, Nishihama R, Machida Y, Doonan JH, Watanabe A. G2/M-phase-specific transcription during the plant cell cycle is mediated by c-Myb-like transcription factors. *Plant Cell*, 2001; 13: 1891–1906
- Iturriaga G, Leyns L, Villeges A, Gharaibeh R, Salamini F, Bartels D. A family of novel myb-related genes from the resurrection plant *Craterostigma plantagineum* are specifically expressed in callus and roots in response to ABA or dessication. *Plant Mol Biol*, 1996; 32:707–716
- Jakoby M, Weisshaar MJB, Dröge-Laser W, Vicente-Carbajosa J, Tiedemann J, Kroj T, Percy F. bZIP transcription factors in *Arabidopsis*. *Trends Plant Sci*, 2002; 7: 106–111.

- Jena KK, Kochert G. Restriction fragment length polymorphism analysis of CCDD genome species of the genus *Oryza* L. *Plant Mol Biol*, 1991; 16: 837–9.
- Jiménez S, Lawton-Rauh AL, Reighard GL, Abbott AG, Bielenberg DG. Phylogenetic analysis and molecular evolution of the dormancy associated MADS-BOX genes from peach. *BMC Plant Biol*, 2009; 9: 81.
- Jones CJ, Edwards KJ, Castaglione S, Winfield MO, Sala F, van de Wiel C, Bredemeijer G, Vosman B, Matthes M, Daly A, Brettschneider R, Bettini P, Buiatti M, Maestri E, Malcevschi A, Marmiroli N, Aert R, Volckaert G, Rudea J, Linacero R, Vazquez A, Karp A Reproducibility testing of RAPD, AFLP and SSR markers in plants by a network of European laboratories. *Mol Breed*, 1997; 3: 381–390.
- Jun JH, Chung KH, Jeong SB, Lee HJ. Development of RAPD and SCAR markers linked to flesh adhesion gene in peach. XXVI International Horticultural Congress, Toronto, Canada, 2002; 335.
- Kalia RK, Rai MK, Kalia S, Singh R, Dhawan AK. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. *Euphytica*, 2011; 177:309–334.
- Kang YH, Kirik V, Hulskamp M, Nam KH, Hagely K, Lee MM, Schiefelbein J. The MYB23 gene provides a positive feedback loop for cell fate specification in the *Arabidopsis* root epidermis. *Plant Cell*, 2009; 21: 1080–1094
- Kantety RV, Rota ML, Matthews DE, Sorrells ME. Data mining for simple sequence repeats in expressed sequence tags from barley, maize, rice, sorghum and wheat. *Plant Mol Biol*, 2002; 48: 501–510.
- Kater MM, Dreni L, Colombo L. Functional conservation of MADS-box factors controlling floral organ identity in rice and *Arabidopsis*. *J. Exp. Bot*, 2006; 57: 3433–3444.
- Kerfeld CA, Scott KM. Using BLAST to Teach “E-value-tionary” Concepts. *PLoS Biol*, 2011; 9(2): e1001014.
- Koebner, RMD, Summers RW. 21st century wheat breeding: plot selection or plate detection? *Trends Biotech*, 2003; 21, 59–63.
- Kuromori T, Sugimoto E, Shinozaki K. Intertissue signal transfer of abscisic acid from vascular cells to guard cells. *Plant Physiol*, 2014; 164: 1587–1592.
- Lawson MJ, Zhang L. Distinct patterns of SSR distribution in the *Arabidopsis thaliana* and rice genomes. *Genome Biol*, 2006; 7:R14.
- Ledent V, Paquet O, Vervoort M. Phylogenetic analysis of the human basic helix-loop-helix proteins. *Genome Biol*. 2002; 3 RESEARCH0030.

- Lee SK, Kader AA. Preharvest and postharvest factors influencing vitamin C content of horticultural crops. *Postharvest Biol. Technol*, 2000; 20 (3): 207–220.
- Li YC, Korol AB, Fahima T, Beiles A, Nevo E. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Mol Ecol*, 2002; 11: 2453–2465.
- Li YC, Korol AB, Fahima T, Nevo E. Microsatellites within genes: structure, function, and evolution. *Mol Biol Evol*, 2004; 21: 991–1007.
- Lippold F, Sanchez DH, Musialak M, Schlereth A, Scheible WR, Hinch DK, Udvardi MK. AtMyb41 regulates transcriptional and metabolic responses to osmotic stress in *Arabidopsis*. *Plant Physiol*, 2009; 149:1761–1772
- Litt M, Luty JA. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *Am J Hum Genet*, 1989; 44: 397–401.
- Littlewood TD, Evan GI. Transcription factors 2: helix-loop helix. *Protein Profile*, 1995; 2: 621–702.
- Liu C, Thong Z, Yu H. Coming into bloom: The specification of floral meristems. *Development*, 2009; 136: 3379–3391.
- Liu H, Cao J, Jiang W. Evaluation and comparison of vitamin C, phenolic compounds, antioxidant properties and metal chelating activity of pulp and peel from selected peach cultivars. *LWT-Food Science and Technology*, 2015; 63 (2): 1042–1048.
- Liu J, Qu J, Hu K, et al. Development of genomewide simple sequence repeat fingerprints and highly polymorphic markers in cucumbers based on next-generation sequence data. *Plant Breed*. 2015;134(5):605–611.
- Liu L, Du H, Tang XF, Wu YM, Huang YB, Tang YX. The roles of MYB transcription factors on plant defense responses and its molecular mechanism. *Hereditas*, 2008; 30: 1265–1271
- Llorca CM, Potschin M, Zentgraf U. bZIPs and WRKYs: two large transcription factor families executing two different functional strategies. *Front. Plant Sci*, 2014; 5: 169.
- Lu ZX, Reighard GL, Baird WV, Abbott AG, Rajapakse S. Identification of peach rootstock cultivars by RAPD markers. *HortScience*, 1996; 31: 127-129.
- Lu ZX, Sosinski B, Reighard GL, Baird WV, Abbott AG. Construction of a genetic linkage map and identification of AFLP markers for resistance to root-knot nematodes in peach rootstocks. *Genome*, 1998; 41: 199-207.

- Manach C, Scalbert A, Morand C, Rémésy C, Jiménez L. Polyphenols: food sources and bioavailability. *Am. J. Clin. Nutr.* 2004; 79 (5): 727–747.
- Martínez-Gómez P, Arulsekhar S, Potter D, Gradziel TM. An extended interspecific gene pool available to peach and almond breeding as characterized using simple sequence repeat (SSR) markers. *Euphytica*, 2003b; 131: 313-322.
- Martínez-Gómez P, Arulsekhar S, Potter D, Gradziel TM. Relationships among peach and almond and related species as detected by SSR markers. *J. Amer. Soc. Hort. Sci*, 2003c; 128: 667-671.
- Martínez-Gómez P, Sozzi GO, Sánchez-Pérez R, Rubio M, Gradziel TM. New approaches to *Prunus* tree crop breeding. *J. Food, Agriculture & Environment*, 2003a; 1(1) :52-63.
- Marti-Renom MA, Stuart AC, Fiser A, Sanchez R, Melo F, Sali A. Comparative protein structure modeling of genes and genomes. *Annu. Rev. Biophys. Biomol. Struct*, 2000; 29: 291–325.
- Maruyama K, Todaka D, Mizoi J, Yoshida T, Kidokoro S, Matsukura S, et al. Identification of cis-acting promoter elements in cold-and dehydration-induced transcriptional pathways in *Arabidopsis*, rice, and soybean. *DNA Res*, 2012; 19: 37–49.
- Meshi T, Iwabuchi M. Plant Transcription Factors. *Plant Cell Physiol*, 1995; 36(8): 1405-1420.
- Miao Y, Smykowski A, Zentgraf U. A novel upstream regulator of WRKY53 transcription during leaf senescence in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Biol. (Stuttg.)*, 2008; 10: (Suppl 1), 110–120.
- Michelmore RW, Paran I, Kesseli RV. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1991; 88: 9828–32.
- Monet R. and Bassi D. *The Peach: botany, production and uses*. CAB International, Wallingford, 2008; 615: 61-85.
- Morgante M, Hanafey M, Powell W. Microsatellites are preferentially associated with nonrepetitive DNA in plant genomes. *Nat Genet*, 2002; 30: 194–200.
- Mowrey BD, Werner DJ, Byrne DH. Inheritance of isocitrate dehydrogenase, malate dehydrogenase, and shikimate dehydrogenase in peach and peach × almond hybrids. *J. Am. Soc. Hort. Sci*, 1990; 115: 312-319.

- Nakashima K and Yamaguchi-Shinozaki K. ABA signaling in stress-response and seed development. *Plant Cell Rep*, 2013; 32: 959–970.
- Ng M, Yanofsky MF. Function and evolution of the plant MADS-box gene family. *Nat. Rev. Genet*, 2001; 2: 186–195.
- Oppenheimer DG, Hertman PL, Sivakumaran S, Esch J. A myb gene required for leaf trichome differentiation in *Arabidopsis* is expressed in stipules. *Cell*, 1991; 67: 483–493
- Özdemir Eroğlu Z, Mısırlı A. Şeftali ıslahı ve gelişimi. *DergiPark*, 2012; 41 (2): 37– 46.
- Pandey SP, Somssich IE. The role of WRKY transcription factors in plant immunity. *Plant Physiol*, 2009; 150: 1648–1655
- Paran I, Michelmore RW. Development of reliable PCRbased markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce.1993. *Theor. Appl. Genet*. 85: 985-993.
- Parenicová L, Folter S, Kieffer M, Horner DS, Favalli C, Busscher J, et al. Molecular and phylogenetic analyses of the complete MADS-BOX transcription factor family in *Arabidopsis*: new openings to the MADS-BOX world. *Plant Cell*, 2003; 15: 1538–1551.
- Parida SK, Kalia SK, Sunita K, Dalal V, Hemaprabha G, Selvi A, Pandit A, Singh A, Gaikwad K, Sharma TR, Srivastava PS, Singh NK, Mohapatra T. Informative genomic microsatellite markers for efficient genotyping applications in sugarcane. *Theor Appl Genet*, 2009; 118:327–338.
- Parveen S, Shahzad A, Yadav V. Molecular markers and their application in plant biotechnology. *Chaper16. Springer*,2016; 389-413.
- Peitsch MC. Protein modelling by e-mail. *BioTechnology*, 1995; 13: 658–660.
- Pejic I, Ajmone-Marson P, Morgante M, et al. Comparative analysis of genetic similarity among maize inbred lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs, and AFLPs. *Theor Appl Genet*, 1998; 97: 1248–55.
- Penner GA, Bush A, Wise R, et al. Reproducibility of random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis among laboratories. *Genome Res*, 1993; 2: 341–5.
- Pérez-Rodríguez P, Riano-Pachon DM, Corrêa LGG, Rensing SA, Kersten B, Mueller-Roeber B. PlnTFDB: updated content and new features of the plant transcription factor database. *Nucleic Acids Res*, 2010; 38: D822–D827.
- Poiroux-Gonord F, Bidel LP, Fanciullino AL, Gautier H, Lauri-Lopez F, Urban L. Health benefits of vitamins and secondary metabolites of fruits and vegetables and

- prospects to increase their concentrations by agronomic approaches. *J. Agric. Food Chem*, 2010; 58 (23): 12065–12082.
- Popescu SC, Popescu GV, Bachan S, Zhang Z, Gerstein M, Snyder M, Dinesh-Kumar SP. MAPK target networks in *Arabidopsis thaliana* revealed using functional protein microarrays. *Genes Dev*, 2009; 23: 80–92.
- Powell W, Machray GC, Provan J. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends Plant Sci*, 1996; 1: 215–222.
- Predieri S, Ragazzini P, Rondelli R. Sensory evaluation and peach fruit quality. *Acta Hort*, 2006; 713:429-434.
- Price J, Laxmi St A, Martin SK, Jang JC. Global transcription profiling reveals multiple sugar signal transduction mechanisms in *Arabidopsis*. *Plant Cell*, 2004; 16: 2128–2150.
- Provan J, Powell W, Hollingsworth PM. Chloroplast microsatellites: new tools for studies in plant ecology and evolution. *Trends Ecol Evol*, 2001; 16: 142–147.
- Puranik S, Sahu PP, Srivastava PS, Prasad M. NAC proteins: regulation and role in stress tolerance. *Trends Plant Sci*. 2012; 17: 369–381.
- Qiu YP, Yu DQ. Over-expression of the stress-induced OsWRKY45 enhances disease resistance and drought tolerance in *Arabidopsis*. *Environ. Exp. Bot*, 2009; 65: 35–47
- Queller DC, Strassmann JE, Hughes CR. Microsatellites and kinship. *Trends Ecol Evol*, 1993; 8: 285–288.
- Rajendrakumar P, Biswal AK, Balachandran SM, Srinivasarao K, Sundaram RM Simple sequence repeats in organellar genomes of rice: frequency and distribution in genic and intergenic regions. *Bioinformatics*, 2007; 23: 1–4.
- Rashid M, Guangyuan H, Guangxiao Y, Hussain J, Xu Y. AP2/ERF transcription factor in rice: genome-wide canvas and syntenic relationships between monocots and eudicots. *Evol. Bioinform. Online*, 2012; 8: 321–355.
- Raybould AF, Goudet J, Mago RJ, et al. Genetic structure of a linear population of *Beta vulgaris* ssp. *maritima* (sea beet) revealed by isozyme and RFLP analysis. *Heredity*, 1996; 76: 111–17.
- Reig G, Iglesias I, Gatiús F, Alegre S. Antioxidant capacity, quality, and anthocyanin and nutrient contents of several peach cultivars [*Prunus persica* (L.) Batsch] grown in Spain. *J. Agric. Food Chem*, 2013; 61 (26): 6344–6357.

- Riaño-Pachón DM, Ruzicic S, Dreyer I, Mueller-Roeber B. PlnTFDB: an integrative plant transcription factor database. *BMC Bioinformatics*, 2007; 8: 42.
- Riechmann JL, Meyerowitz EM. The AP2/EREBP family of plant transcription factors. *Biol. Chem.* 1998; 379: 633–646.
- Riechmann JL, Meyerowitz EM. The AP2/EREBP family of plant transcription factors. *Biol. Chem.* 1998; 379: 633–646.
- Riechmann JL. Transcription factors of Arabidopsis and rice: a genomic perspective. *Annu. Plant Rev.*, 2006; 29: 28–53.
- Riedy MF, Hamilton III WJ, Aquadro CF. Excess of non parental bands in offspring from known primate pedigrees assayed using RAPD PCR. *Nucleic Acids Res.*, 1992; 20: 918.
- Roberti M, Polosa PL, Bruni F, Manzari C, Deceglie S, Gadaleta MN, et al. (2009). The MTERF family proteins: mitochondrial transcription regulators and beyond. *Biochim. Biophys. Acta* 2009; 1787: 303–3011.
- Romanel EA, Schrago CG, Counago RM, Russo CA, Alves-Ferreira M. Evolution of the B3 DNA binding superfamily: new insights into REM family gene diversification. *PLoS One*, 2009; 4:e5791.
- Rost B. Twilight zone of protein sequence alignments. *Protein Eng.* 1999; 12: 85–94.
- Rushton PJ, Somssich IE, Ringler P, Shen QJ. WRKY transcription factors. *Trends in Plant Science, Cell*, 2010; 15(5): 248-258
- Saidani F, Giménez R, Aubert C, Chalot G, Betrán JA, Gogorcena Y. Phenolic, sugar and acid profiles and the antioxidant composition in the peel and pulp of peach fruits. *J. Food Compos. Anal.*, 2017; 62: 126–133.
- Sakuma Y, Liu Q, Dubouzet JG, Abe H, Shinozaki K, Yamaguchi Shinozaki K. DNA-binding specificity of the ERF/AP2 domain of Arabidopsis DREBs, transcription factors involved in dehydration- and cold-inducible gene expression. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 2002; 290: 998–1009.
- Sansavini S, Gamberini A, Bassi D. Peach breeding, genetics and new cultivar trends. *Acta Hort.*, 2006; 713: 23–48.
- Saraswathy N, Ramalingam P. Genome mapping - Concepts and Techniques in Genomics and Proteomics. Elsevier, 2011; 77-93.
- Savelkoul PHM, Aarts HJM, de Haas J, et al. Amplified fragment length polymorphism analysis: the state of an art. *J Clin Microbiol.* 1999; 37: 3083–91.

- Scheible WR, Gonzalez-Fontes A, Lauerer M, Muller-Rober B, Caboche M, Stitt M. Nitrate acts as a signal to induce organic acid metabolism and repress starch metabolism in tobacco. *Plant Cell*, 1997; 9: 783–798.
- Scheible WR, Morcuende R, Czechowski T, Fritz C, Osuna D, Palacios-Rojas N, Schindelasch D, Thimm O, Udvardi MK, Stitt M. Genome-wide reprogramming of primary and secondary metabolism, protein synthesis, cellular growth processes, and the regulatory infrastructure of Arabidopsis in response to nitrogen. *Plant Physiol*, 2004; 136: 2483–2499.
- Schlötterer C. The evolution of molecular markers – just a matter of fashion. *Nat Rev Genet*, 2004; 5: 63–69.
- Schuler GD. Sequence mapping by electronic PCR. *Genome Re*, 1997; 7: 541–550.
- Schwarz-Sommer Z, Davies B, Hudson A. An everlasting pioneer: The story of Antirrhinum research. *Nat. Rev. Genet*, 2003; 4: 657–666
- Schwede T, Kopp J, Guex N, Peitsch MC. SWISS-MODEL: An automated protein homology-modeling server. *Nucleic Acids Res*, 2003;1: 31(13) 3381-5.
- Scorza R, Sherman WB. Fruit breeding, Tree and tropical fruits. John Wiley & Sons, 1996; 1: 325–440.
- Segarra G, Van der Ent S, Trillas I, Pieterse CMJ. MYB72, a node of convergence in induced systemic resistance triggered by a fungal and a bacterial beneficial Microbe. *Plant Biol*, 2009; 11: 90–96
- Shao H, Wang H, Tang X. NAC transcription factors in plant multiple abiotic stress responses: progress and prospects. *Front. Plant Sci*, 2015; 6: 902.
- Sharma H, Bhandawat A, Kumar P, Rahim MS, Parveen A, Kumar P, Madhawan A, Rishi V, Roy J. Development and characterization of bZIP transcription factor based SSRs in wheat. *Gene*, 2020; 0378-1119.
- Sharoni AM, Nuruzzaman M, Satoh K, Shimizu T, Kondoh H, Sasaya T, et al. Gene structures, classification and expression models of the AP2/EREBP transcription factor family in rice. *Plant Cell Physiol*, 2011; 52: 344–360.
- Shen QH, Saijo Y, Mauch S, Biskup C, Bieri S, Keller B, Seki H, Ulker B, Somssich IE, Schulze-Lefert P. Nuclear activity of MLA immune receptors links isolate-specific and basal disease-resistance responses. *Science*, 2007; 315: 1098–1103.
- Simionato E, Ledent V, Richards G, Thomas-Chollier M, Kerner P, Coornaert D, Degnan BM, Vervoort M. Origin and diversification of the basic helix-loop-helix gene

- family in metazoans: insights from comparative genomics. *BMC Evol. Biol*, 2007; 7: 33.
- Sonah H, Deshmukh RK, Sharma A, Singh VP, Gupta DK, Gacche RN, Rana JC, Singh NK, Sharma TR. Genome-Wide Distribution and Organization of Microsatellites in Plants: An Insight into Marker Development in *Brachypodium*. *PLoS ONE*, 2011; 6(6): e21298.
- Song X, Li Y, Hou X. Genome-wide analysis of the AP2/ERF transcription factor superfamily in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*). *BMC Genomics*, 2013; 14: 573.
- Soranzo N, Provan J, Powell W. An example of microsatellite length variation in the mitochondrial genome of conifers. *Genome*, 1999; 42: 158–161.
- Sosinski B, Gannavarapu M, Hager LE, Beck LE, King GJ, Ryder CD, Rajapakse S, Baird WV, Ballard RE, Abbott AG. Characterization of microsatellite markers in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch). *Theor. Appl. Genet*, 2000; 101:421-428.
- Souer E, van Houwelingen A, Kloos D, Mol J, Koes R. The No Apical Meristem gene of petunia is required for pattern formation in embryos and flowers and is expressed as meristem and primordia boundaries. *Cell*, 1995; 85: 159–170.
- Stover NA, Cavalcanti ARO. Using NCBI BLAST. *Curr. Protoc. Essential Lab. Tech*, 2017; 14: 11.1.1-11.1.34.
- Swaminathan K, Peterson K, Jack T. The plant B3 superfamily. *Trends Plant Sci*, 2008; 13: 647–655
- Swordlow H, Gesteland R. Capillary gel electrophoresis for rapid, high resolution DNA sequencing. *Nucleic Acids Research*, 1990; 18: 1415–1419.
- Tanksley SD, Young ND, Patterson AH, Bonierbale MW. RFLP mapping in plant breeding: New tools for an old science. *Biotechnology*, 1989; 7: 257-264.
- Tao Z, Liu H, Qiu D, Zhou Y, Li X, Xu C, Wang S. A pair of allelic WRKY genes play opposite roles in rice-bacteria interactions. *Plant Physiol*, 2009; 151: 936–948.
- Tautz D, Renz M. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Res*, 1984; 12: 4127–4138.
- Tautz D. Notes on the definition and nomenclature of tandemly repetitive DNA sequences. *DNA fingerprinting: state of the science*. Springer, 1993; 21–28.
- Testolin R, Marrazzo T, Cipriani G, Quarta R, Verde I, Dettori T, Pancaldi M, Sansavini S. Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch) and its use in

- fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars. *Genome*, 2000; 43: 512-520.
- Thiel T, Michalek W, Varshney RK, Graner A. Exploiting EST databases for the development of cDNA derived microsatellite markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor Appl Genet*, 2003; 106:411–422.
- Tomás-Barberán FA, Gil MI, Cremin P, Waterhouse AL, Hess-Pierce B, Kader AA. HPLC- DAD- ESIMS analysis of phenolic compounds in nectarines, peaches, and plums. *J. Agric. Food Chem.* 2001; 49 (10): 4748–4760.
- Topham CM, Thomas P, Overington JP, Johnson MS, Eisenmenger F, Blundell TL. An assessment of COMPOSER: a rule-based approach to modelling protein structure. *Biochem. Soc. Symp*, 1990; 57: 1–9.
- Tramontano A, Leplae R, Morea V. Analysis and assessment of comparative modeling predictions in CASP4. *Proteins*, 2001; 45 (Suppl. 5): 22–38.
- Tröbner W, Ramirez L, Motte P, Hue I, Huijser P, Lonig W-E, Saedler H, Sommer H, Schwarz-Sommer Z. GLOBOSA: A homeotic gene which interacts with DEFICIENS in the control of *Antirrhinum* floral organogenesis. *EMBO J*, 1992; 11: 4693–4704.
- Uematsu C, Katayama H, Makino I, Inagaki A, Arakawa O, Martin C. Peace, a MYB-like transcription factor, regulates petal pigmentation in flowering peach “Genpei” bearing variegated and fully pigmented flowers. *J. Exp. Bot*, 2014; 65: 1081–1094.
- Urao T, Yamaguchi-Shinozaki K, Urao S, Shinozaki K. An *Arabidopsis* myb homolog is induced by dehydration stress and its gene product binds to the conserved MYB recognition sequence. *Plant Cell*, 1993; 5: 1529–1539.
- Ülker B. Somssich IE. WRKY transcription factors: from DNA binding towards biological function. *Curr. Opin. Plant Biol*, 2004; 7: 491–498
- Vandenbussche M, Zethof J, Souer E, Koes R, Tornielli GB, Pezzotti M, Ferrario S, Angenent GC, Gerats T. Toward the analysis of the petunia MADS box gene family by reverse and forward transposon insertion mutagenesis approaches: B, C, and D floral organ identity functions require SEPALLATA-like MADS box genes in petunia. *Plant Cell*, 2003; 15: 2680–2693.
- Varshney RK, Graner A, Sorrells ME. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. *Trends Biotechnol*, 2005a; 23: 48–55.

- Varshney RK, Thiel T, Stein N, Langridge P, Graner A. In silico analysis on frequency and distribution of microsatellites in ESTs of some cereal species. *Cell Mol Biol Lett*, 2002; 7: 537–546.
- Varshney RK, Thudi M, Aggarwal R, Börrner A. Genic molecular markers in plants: development and applications. In: Varshney RK, Tuberosa R (eds) *Genomics-assisted crop improvement: genomics approaches and platforms*, vol 1. Springer, Dordrecht, 2007; 13–29.
- Verde I, Quarta R, Cedrola C, Dettori MT. QTL analysis of agronomic traits in a BC1 peach population. *Acta Hort*, 2002; 592:291-297. 148.
- Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, Lee T, Hornes M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kuiper M, Zabeau M. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res*, 1995; 23: 4407-4414.
- Wang R, Okamoto M, Xing X, Crawford NM. Microarray analysis of the nitrate response in *Arabidopsis* roots and shoots reveals over 1,000 rapidly responding genes and new linkages to glucose, trehalose-6-phosphate, iron, and sulfate metabolism. *Plant Physiol*, 2003; 132, 556–567.
- Wang R, Tischner R, Gutiérrez RA, Hoffman M, Xing X, Chen M, Coruzzi G, Crawford NM. Genomic analysis of the nitrate response using a nitrate reductase-null mutant of *Arabidopsis*. *Plant Physiol*, 2004; 136: 2512–2522.
- Wang X, Wang L. GMATA: An Integrated Software Package for Genome-Scale SSR Mining, Marker Development and Viewing. *Front. Plant Sci*, 2016; 7: 1350.
- Wang Y, Georgi LL, Zhebentyayeva N, Reighard GL, Scorza R, Abbott AG. High throughput targeted SSR marker development in peach (*Prunus persica*). *Genome*, 2002; 45: 319-328.
- Wang Z, Weber JL, Zhang G, Tanksley SD. Survey of plant short tandem DNA repeats. *Theor Appl Genet*, 1994; 88: 1–6.
- Warburton ML, Becerra-Velásquez VL, Goffreda JC, Bliss FA. Utility of RAPD markers in identifying genetic linkages to genes of economic interest in peach. *Theor. Appl. Genet*, 1996; 93: 920-925.
- Welsh J, McClelland M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Res*, 1990; 18: 7213-7218.
- Werner DJ, Creller MA, Chaparro JX. Inheritance of the blood-flesh trait in peach. *Science*, 1998; 33 (7): 1243–1246.

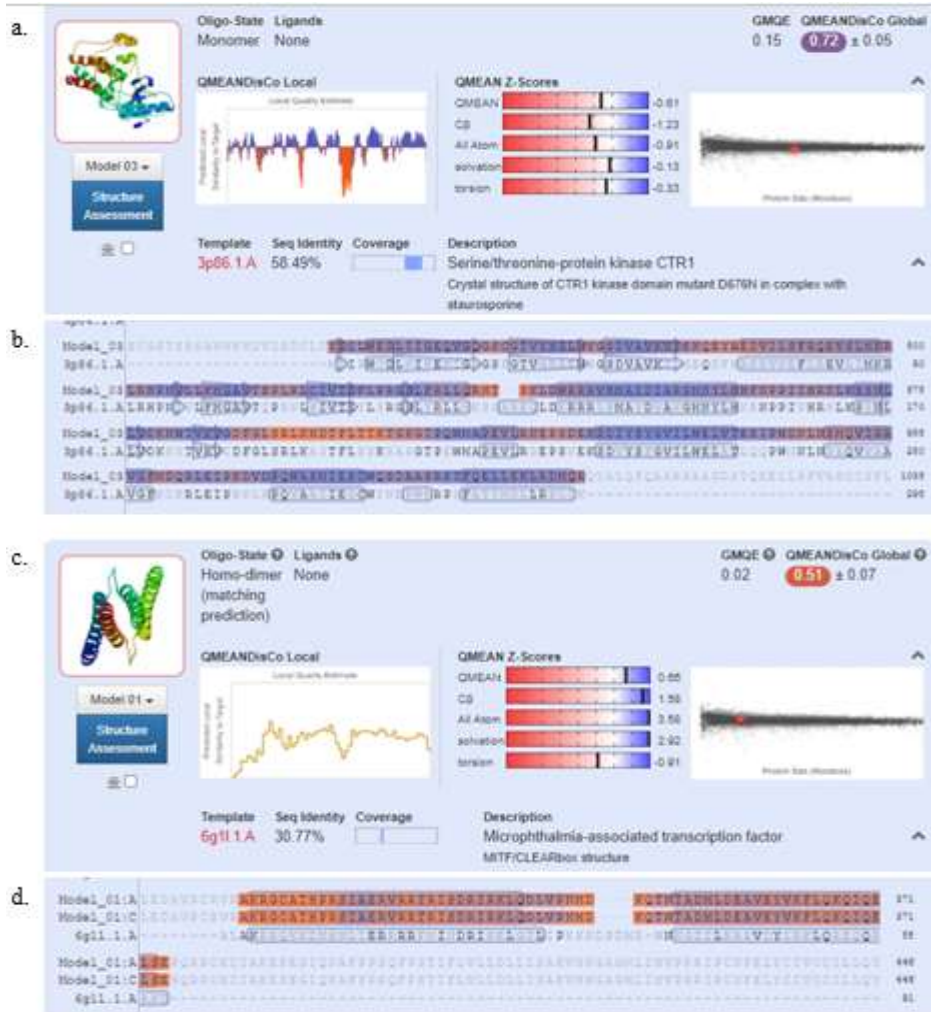
- Whipple CJ, Ciceri P, Padilla CM, Ambrose BA, Bandong SL, Schmidt, RJ. Conservation of B-class floral homeotic gene function between maize and Arabidopsis. *Development*, 2004; 131: 6083–6091.
- Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res*, 1990; 18, 6531–5.
- Wünsch A, Hormaza JJ. Cultivar identification and genetic fingerprinting of temperate fruit tree species using DNA markers. *Euphytica*, 2002; 125: 56-67.
- Xie Z, Lee EK, Lucas JR, Morohashi K, Li D, Murray JAH, Sack FD, Grotewold E. *Plant Cell*, 2010; 22: 2306–2321.
- Xu ZS, Chen M, Li LC, Ma YZ. Functions and application of the AP2/ERF transcription factor family in crop improvement. *J. Integr. Plant Biol*, 2011; 53: 570–585.
- Yamamoto T, Mochida K, Imai T, Shi IZ, Ogiwara I, Hayashi T. Microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] derived from an enriched genomic and cDNA libraries. *Mol. Ecol. Notes*, 2002; 2: 298-302.
- Yamasaki K, Kigawa T, Inoue M et al. Solution structure of the B3 DNA binding domain of the Arabidopsis cold-responsive transcription factor RAV1. *Plant Cell*, 2004; 16: 3448–3459.
- Yamasaki K, Kigawa T, Inoue M, Watanabe S, Tateno M, Seki M, Shinozaki K, Yokoyama S. Structures and evolutionary origins of plant-specific transcription factor DNA-binding domains. *Plant Physiol Biochem*, 2008; 46: 394–401
- Yang Y, Klessig DF. Isolation and characterization of a tobacco mosaic virus-inducible myb oncogene homolog from tobacco. *Proc Natl Acad Sci*, 1996; 93: 14972–14977
- Yoshimura S, Yoshimura A, Saito A. RFLP analysis of introgressed chromosomal segments in three near-isogenic lines of rice for bacterial blight resistance genes, Xa-1, Xa-3 and Xa-4. *Jpn J Genet*, 1992; 67: 29–37.
- Zane L, Bargelloni L, Patarnello T. Strategies for microsatellite isolation: a review. *Mol Ecol*, 2002; 11: 1–16.
- Zhang H, Forde BG. An Arabidopsis MADS box gene that controls nutrient-induced changes in root architecture. *Science*, 1998 279: 407–409.
- Zhang Z, Liu W, Qi X, Liu Z, Xie W, Wang Y. Genome-wide identification, expression profiling, and SSR marker development of the bZIP transcription factor family in *Medicago truncatula*. *Biochem. Syst. Ecol*, 2015; 61: 218–228.

Zhao X, Zhang W, Yin X, Su M, Sun C, Li X, Chen K. Phenolic composition and antioxidant properties of different peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] cultivars in China. *Int. J. Mol. Sci*, 2015; 16 (3): 5762–5778.

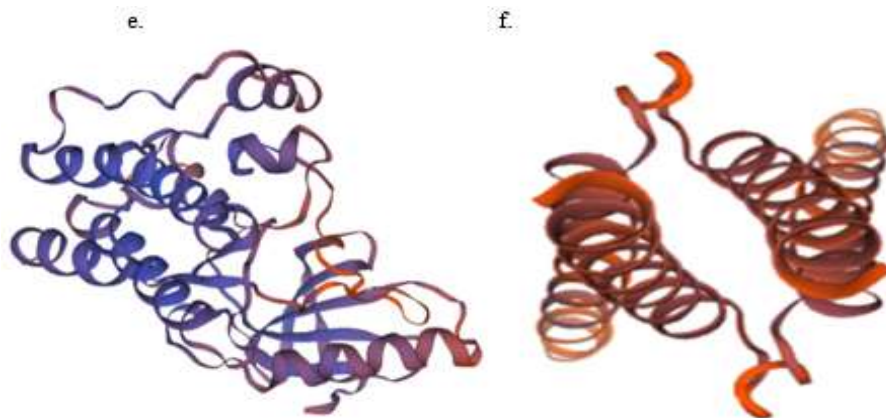
Zhu JL. Almond in Xin Jiang. Xin Jiang Science Press, 1983; Xin Jiang (in Chinese).

EKLER

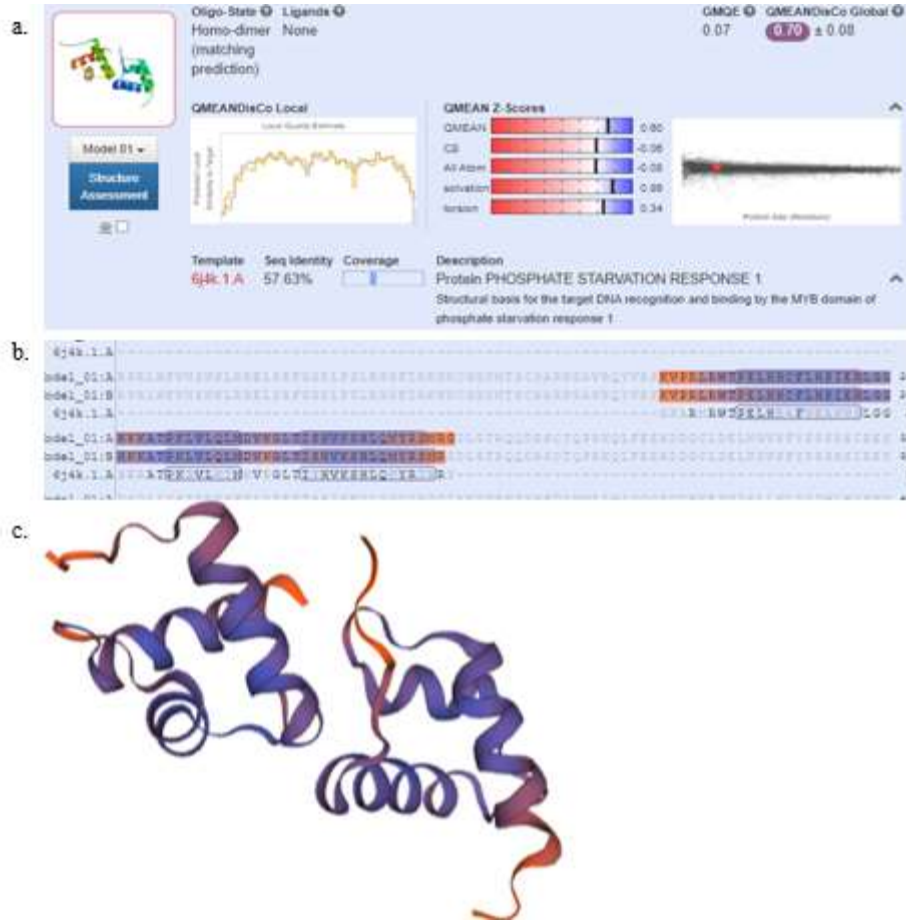
EK-1 Haritalanan markörlerin üç boyutlu protein modelleri.



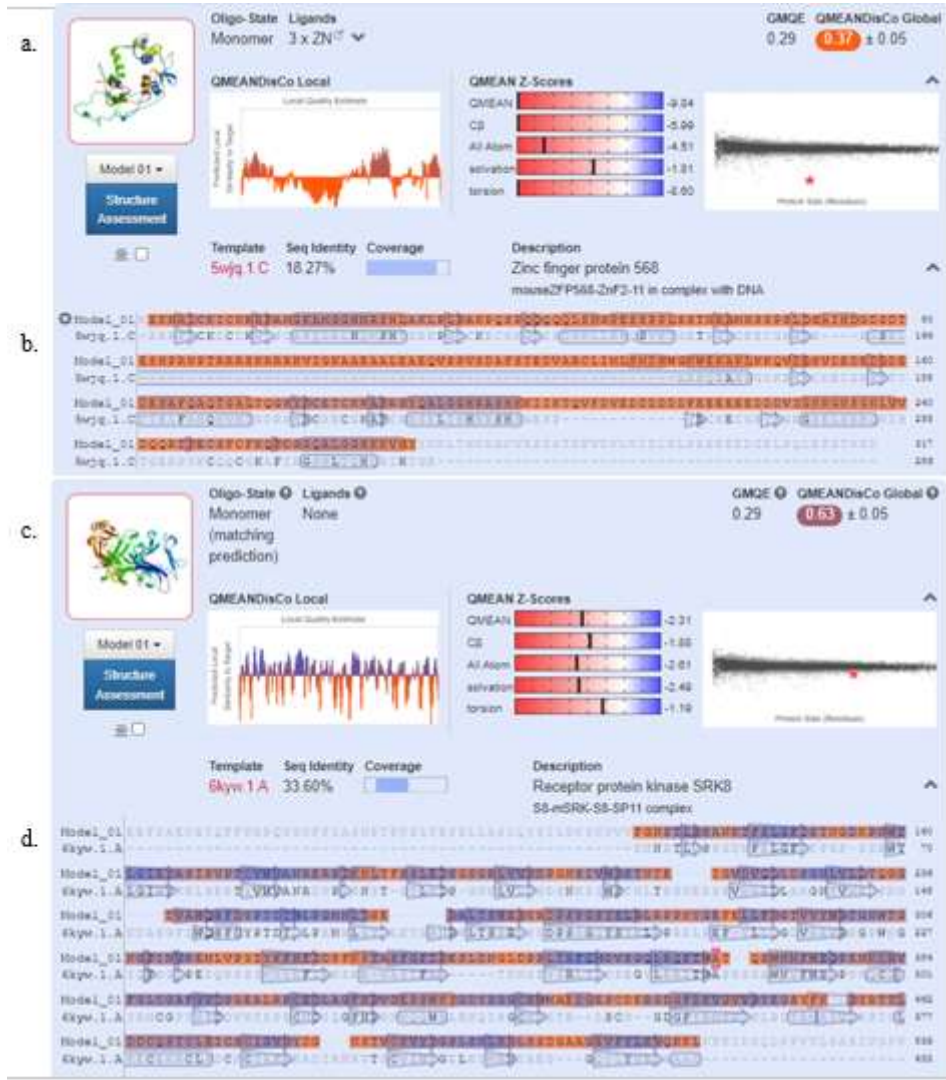
Şekil 21. Kromozom 1 üzerinde haritalanan >MK145 ve >MK212 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK145 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK212 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



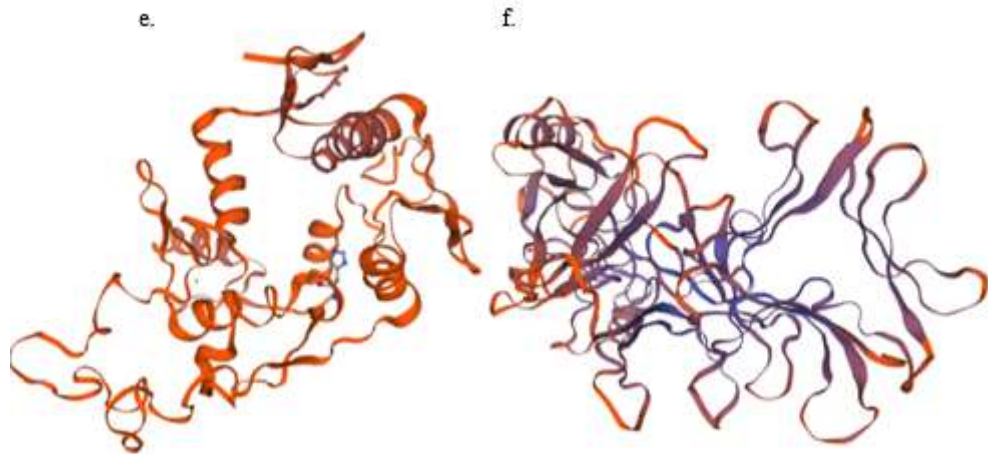
Şekil 22. e. >MK145 için üç boyutlu modelleme, f. >MK212 için üç boyutlu modelleme



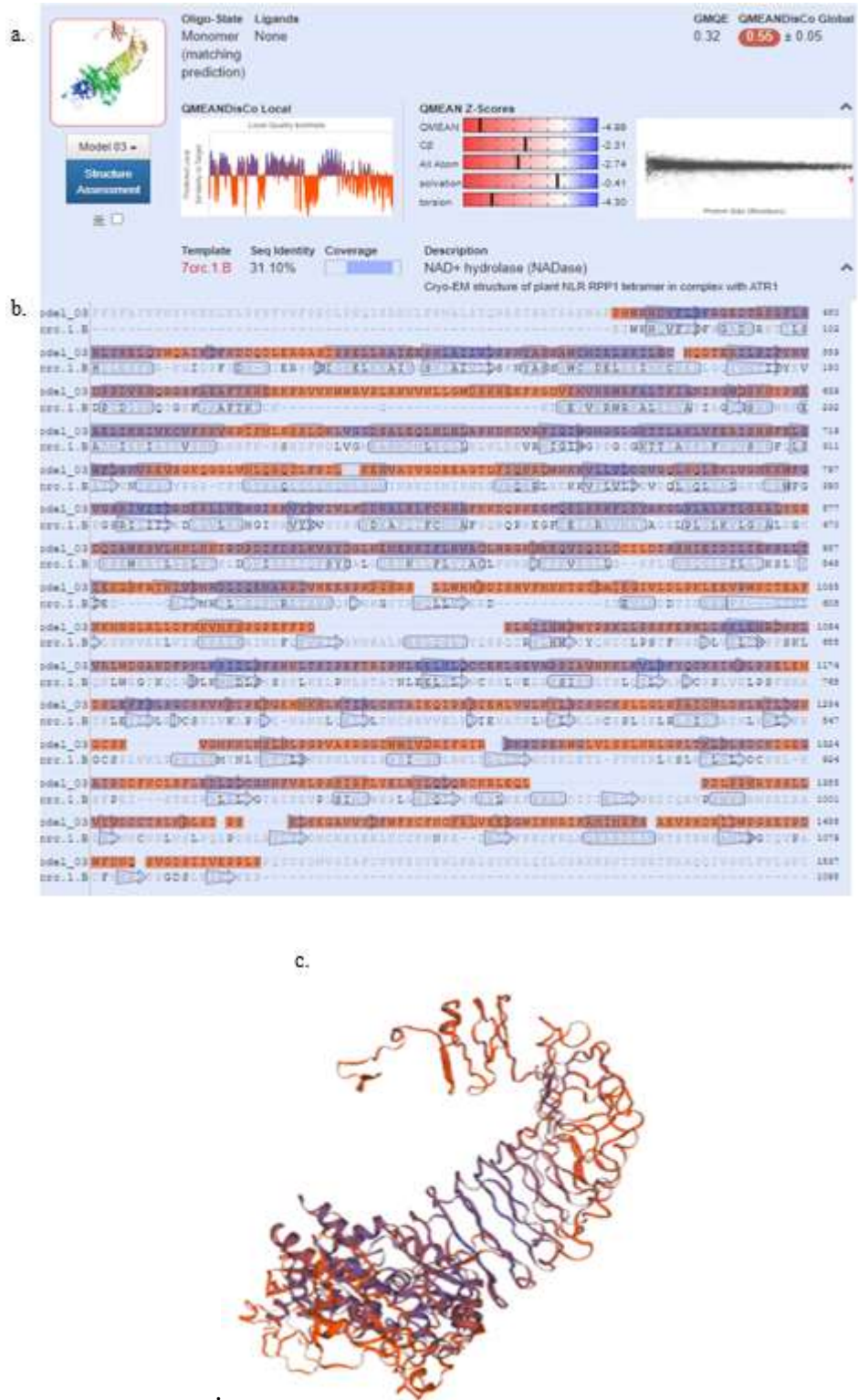
Şekil 23. Kromozom 1 üzerinde haritalanan >MK249 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.
a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması, c üç boyutlu modelleme.



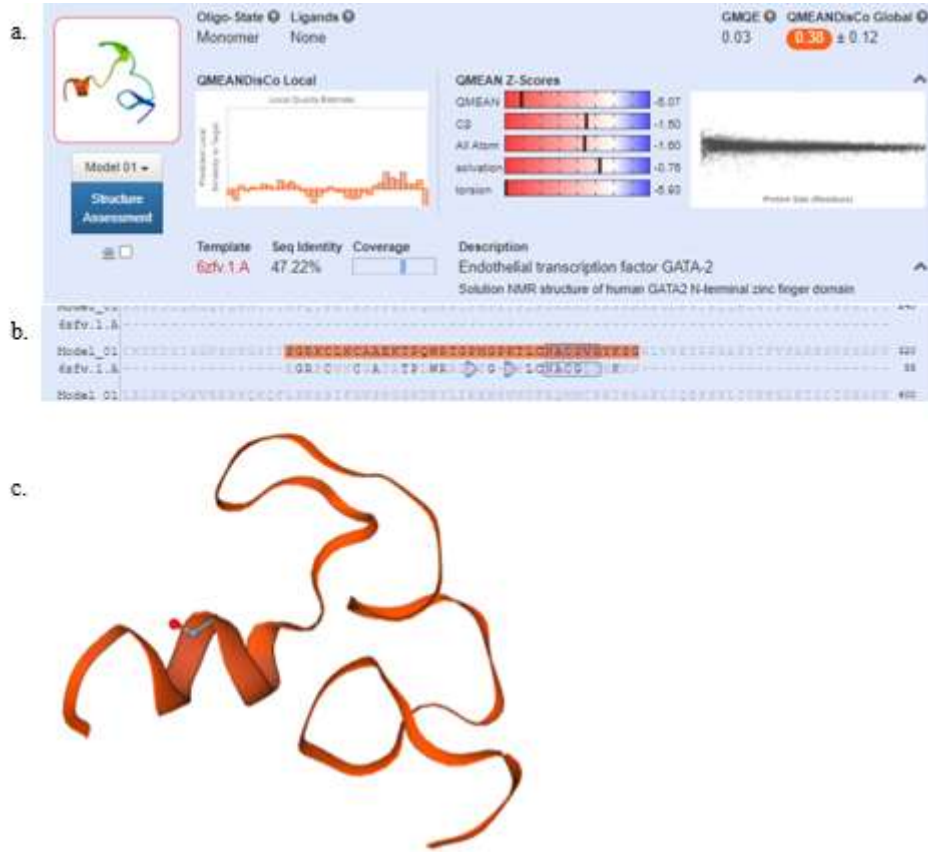
Şekil 25. Kromozom 2 üzerinde haritalanan >MK789 ve >MK739 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK789 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK739 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



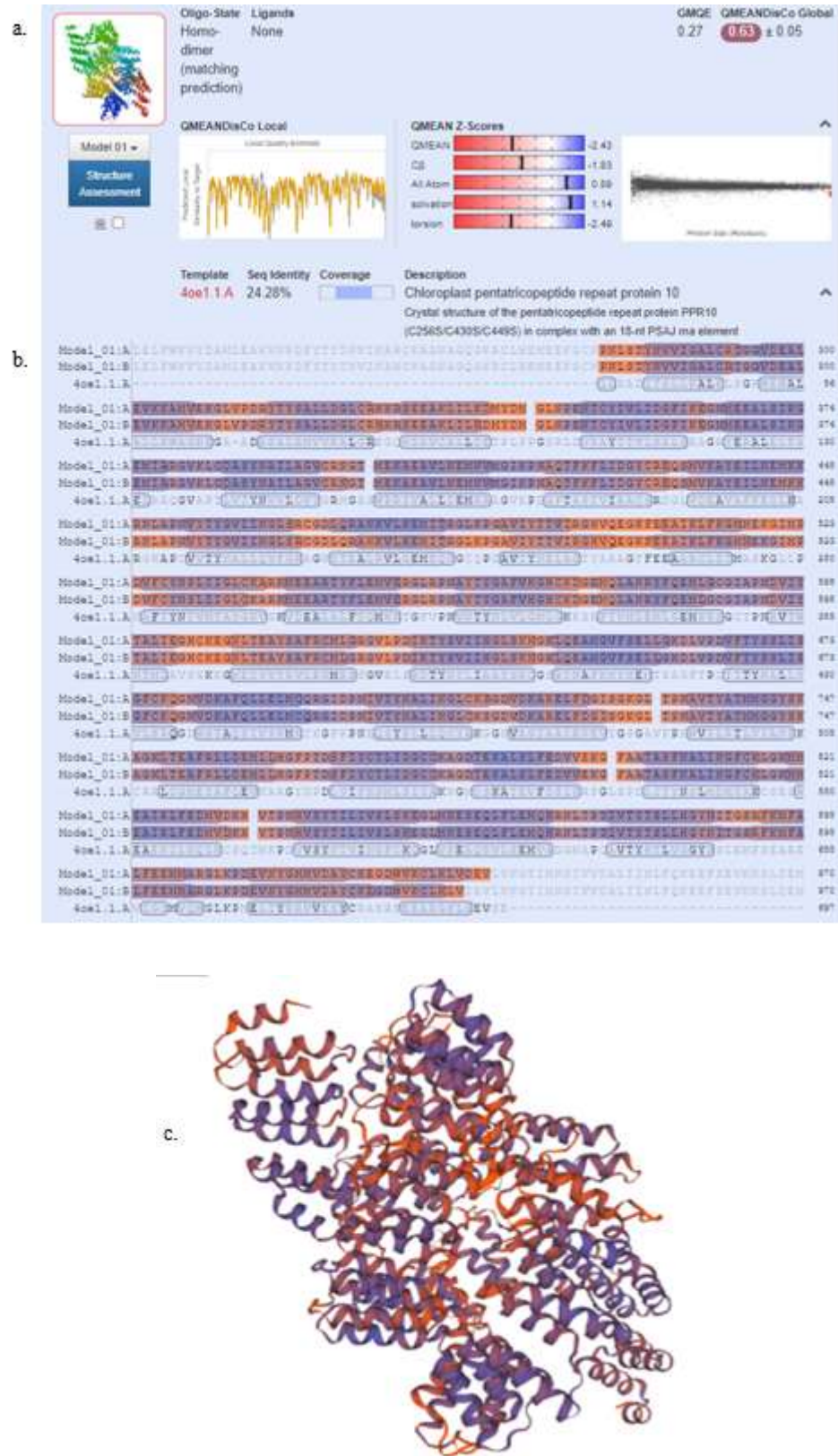
Şekil 26. e. >MK789 için üç boyutlu modelleme, f. >MK739 için üç boyutlu modelleme.



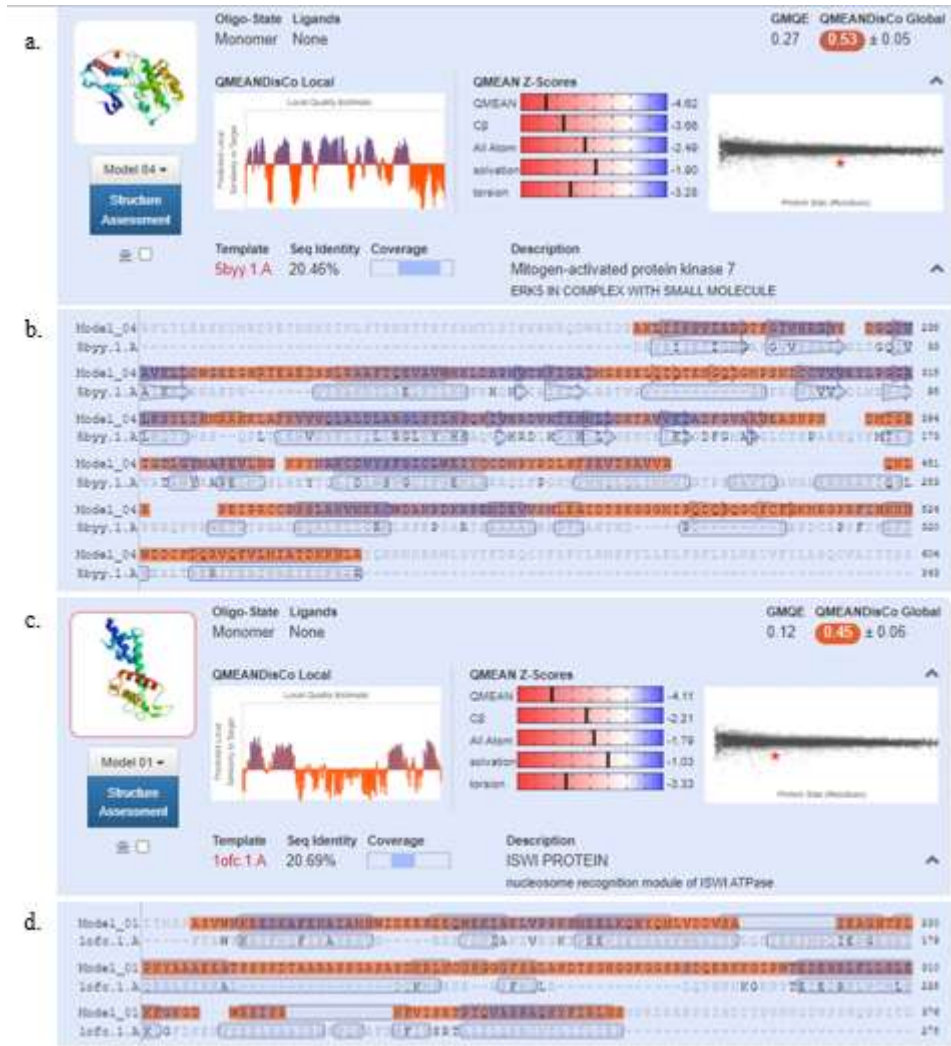
Şekil 27. Kromozom 3 üzerinde haritalanan >MK102 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları. a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması, c üç boyutlu modelleme.



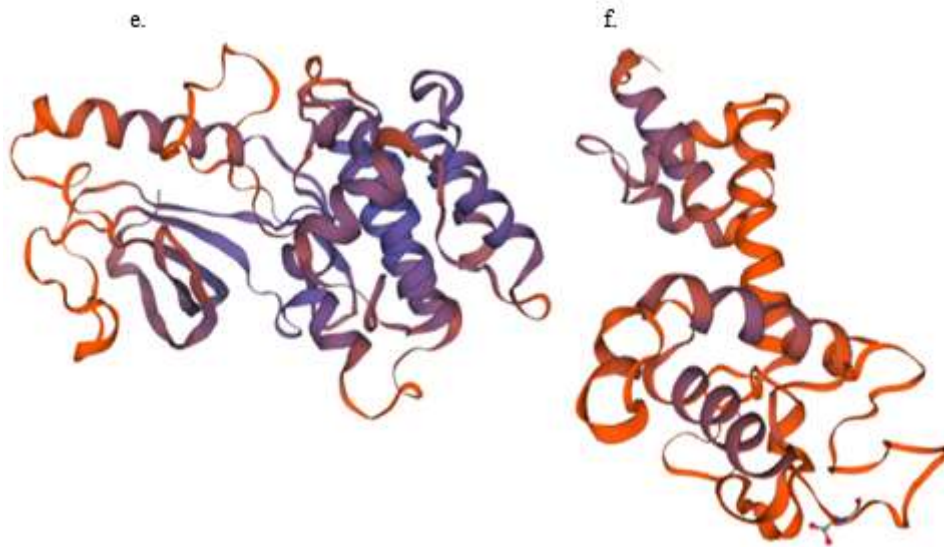
Şekil 28. Kromozom 3 üzerinde haritalanan >MK1144 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları. a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması, c üç boyutlu modelleme.



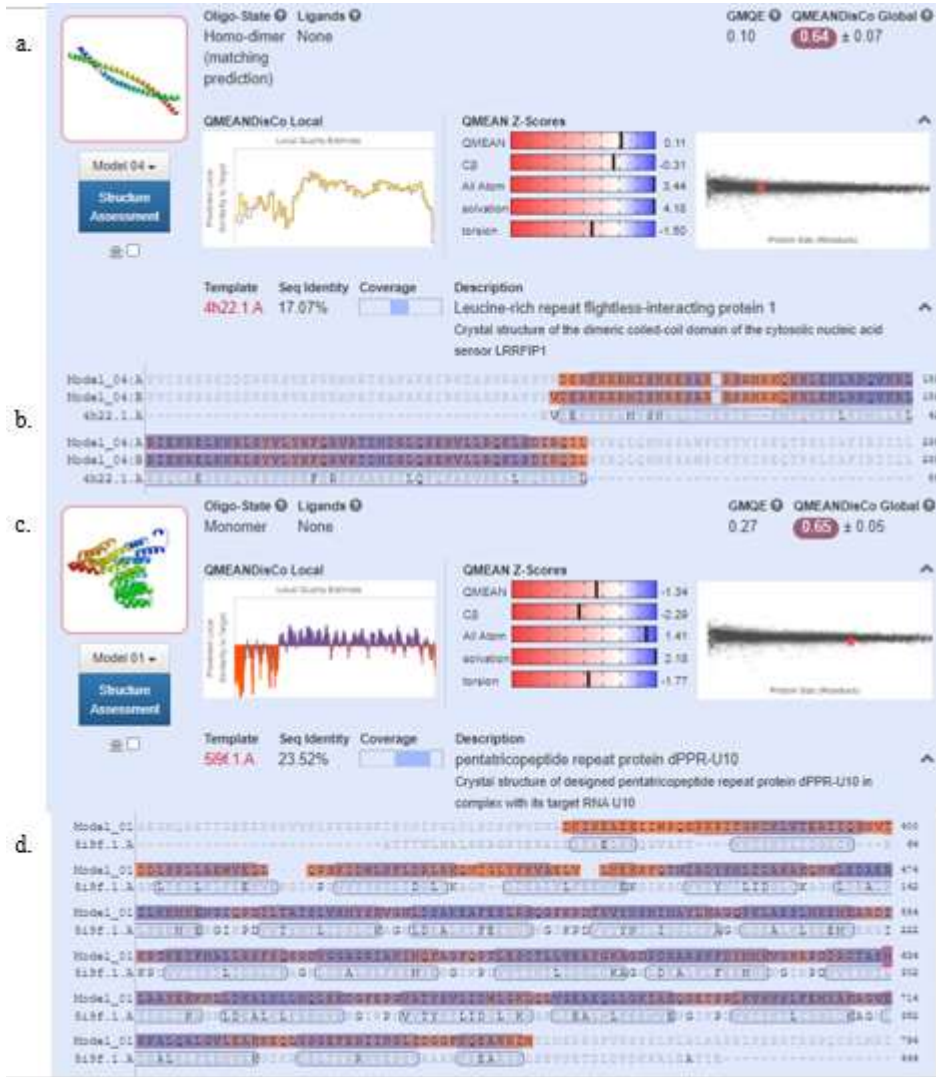
Şekil 29. Kromozom 5 üzerinde haritalanan >MK503 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları. a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması, c üç boyutlu modelleme.



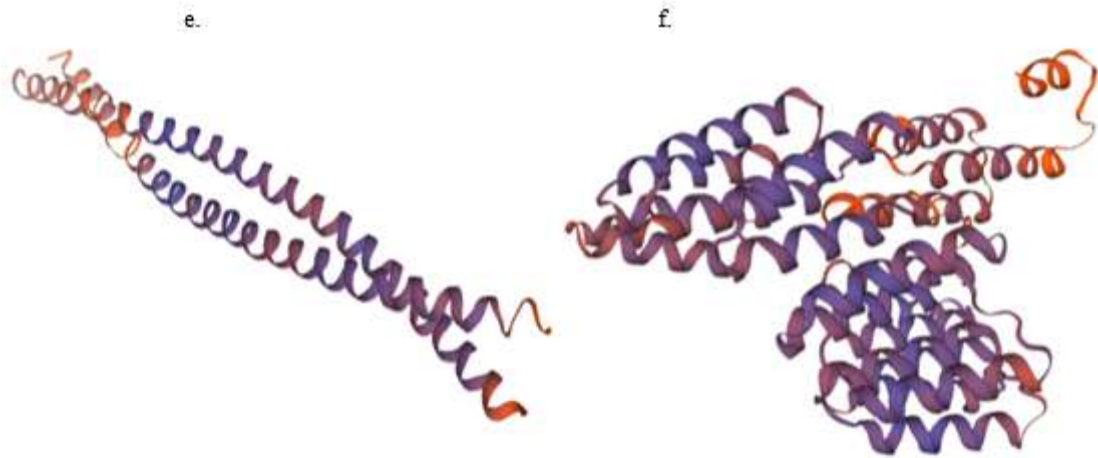
Şekil 30. Kromozom 5 üzerinde haritalanan >MK552 ve >MK584 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK552 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK584 için c. modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



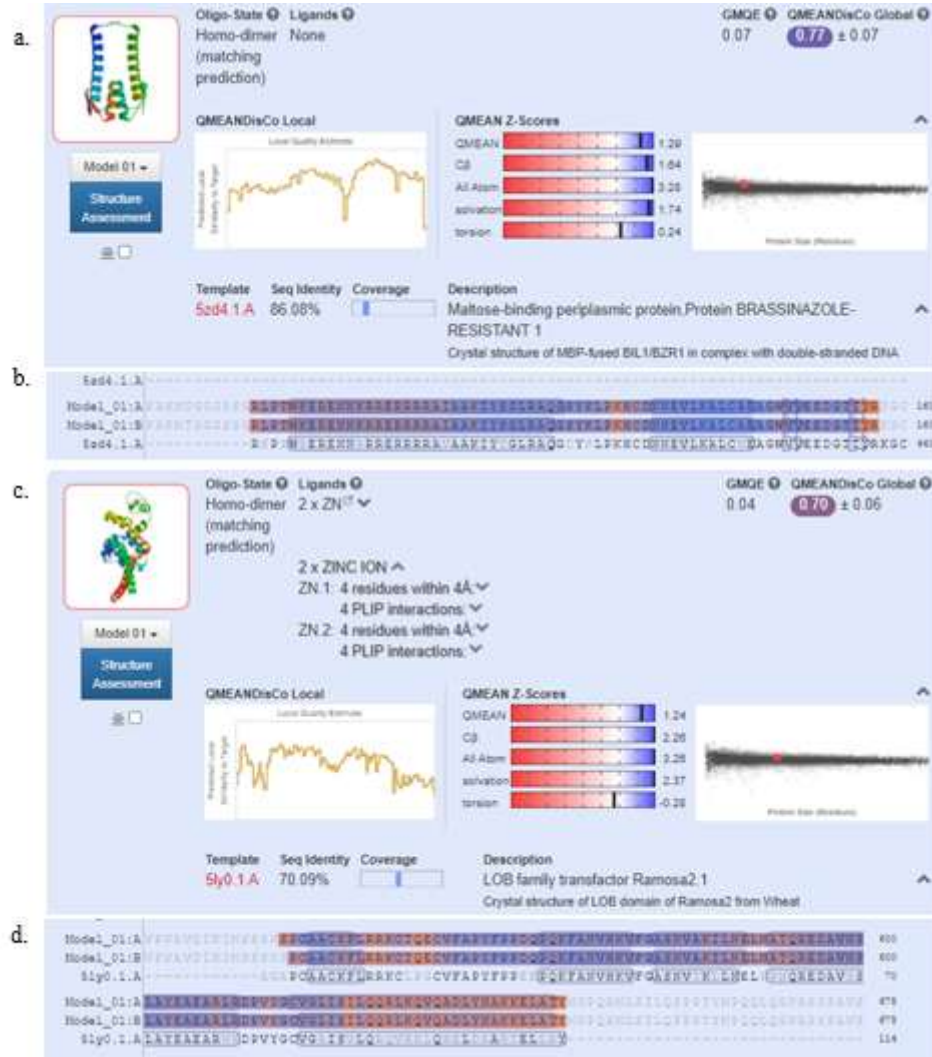
Şekil 31. e. >MK552 için üç boyutlu modelleme, f. >MK584 için üç boyutlu modelleme.



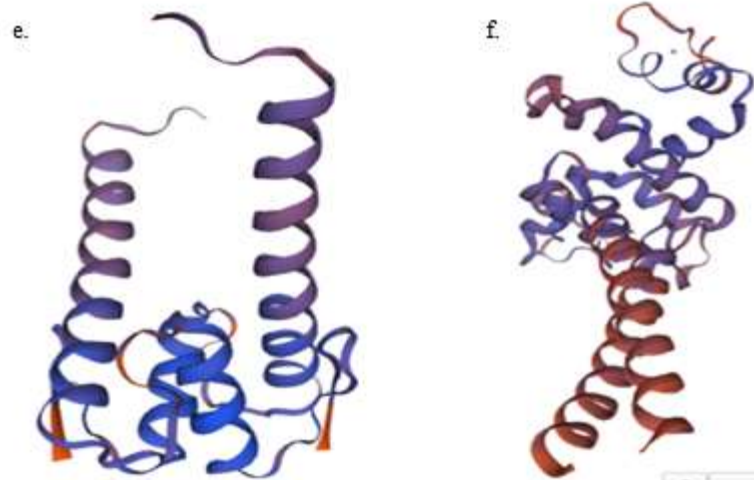
Şekil 33. Kromozom 6 üzerinde haritalanan >MK971 ve >MK999 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK971 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK999 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



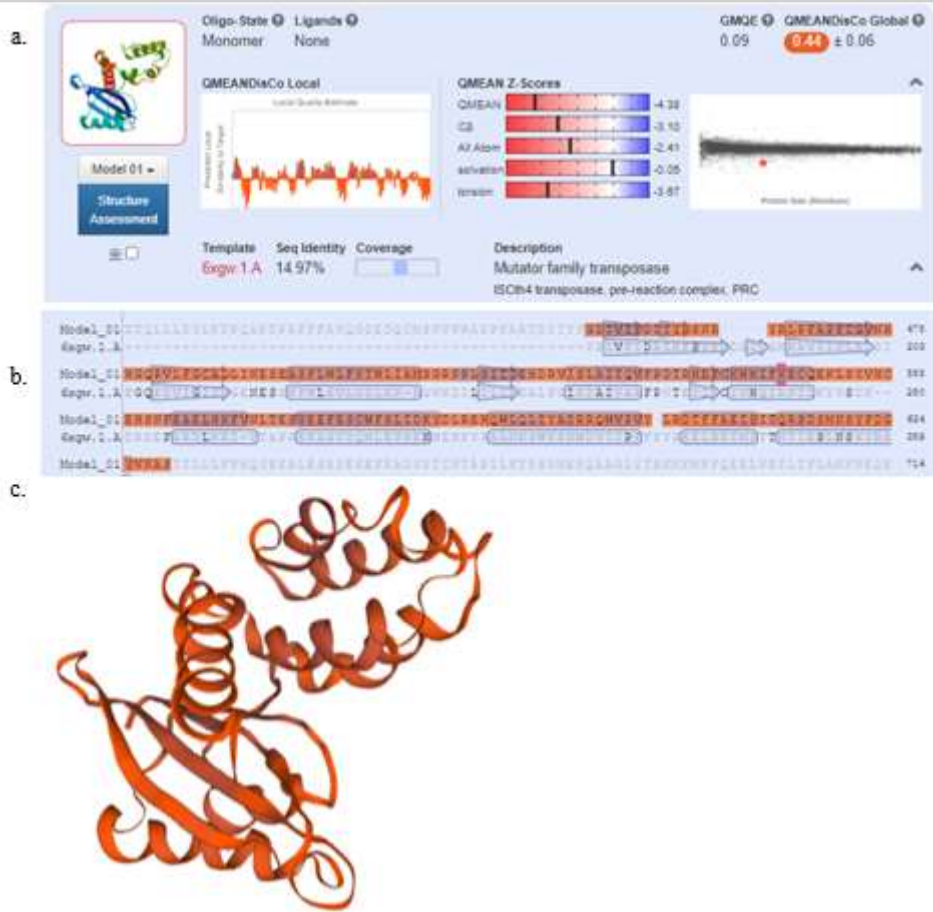
Şekil 34. e. >MK971 için üç boyutlu modelleme, f. >MK999 için üç boyutlu modelleme.



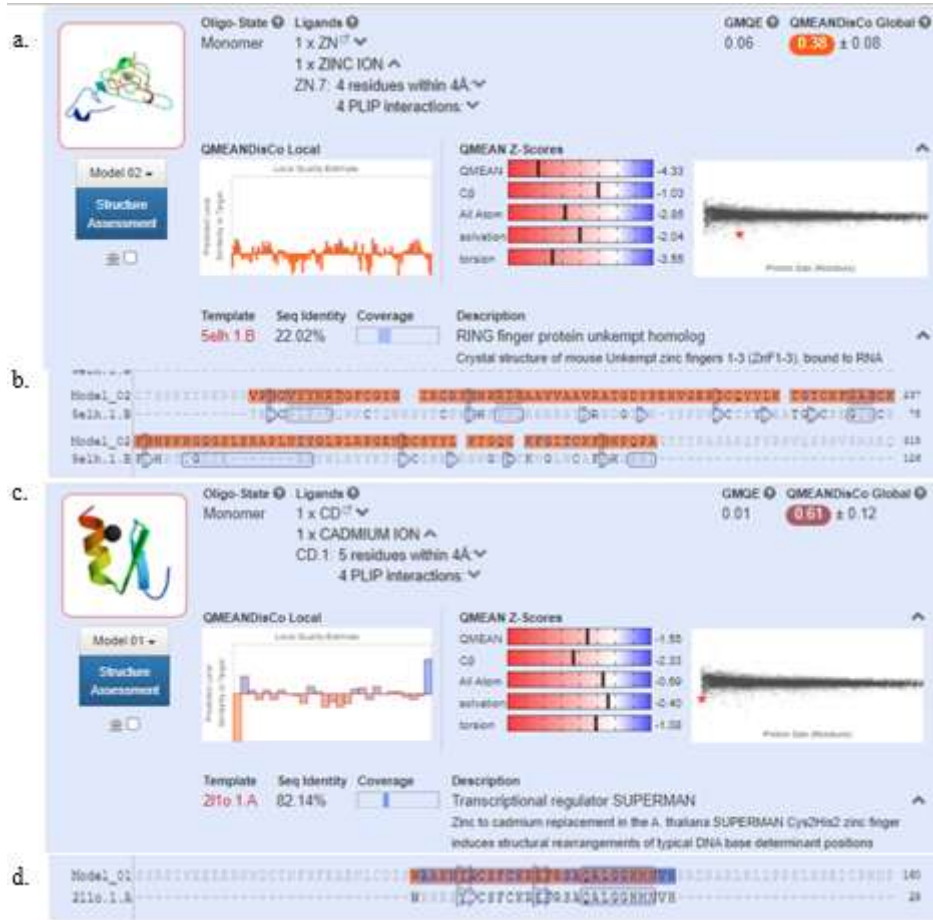
Şekil 35. Kromozom 7 üzerinde haritalanan >MK1259 ve >MK1290 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK1259 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK1290 için c. modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



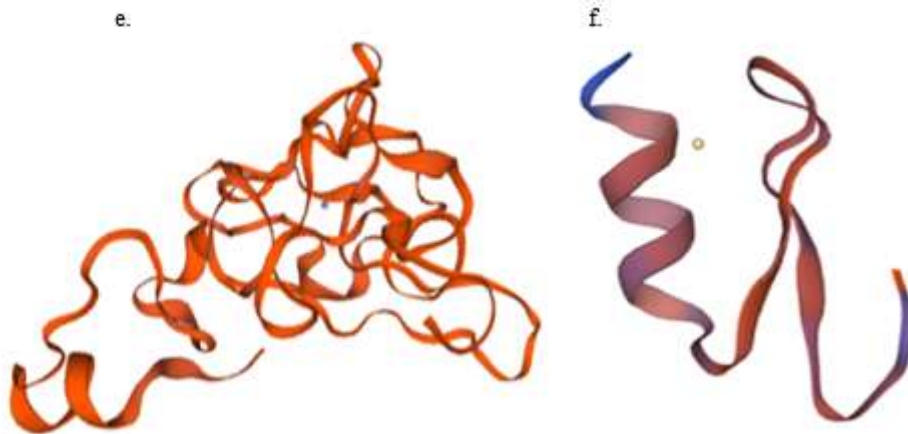
Şekil 36. e. >MK1259 için üç boyutlu modelleme, f. >MK1290 için üç boyutlu modelleme.



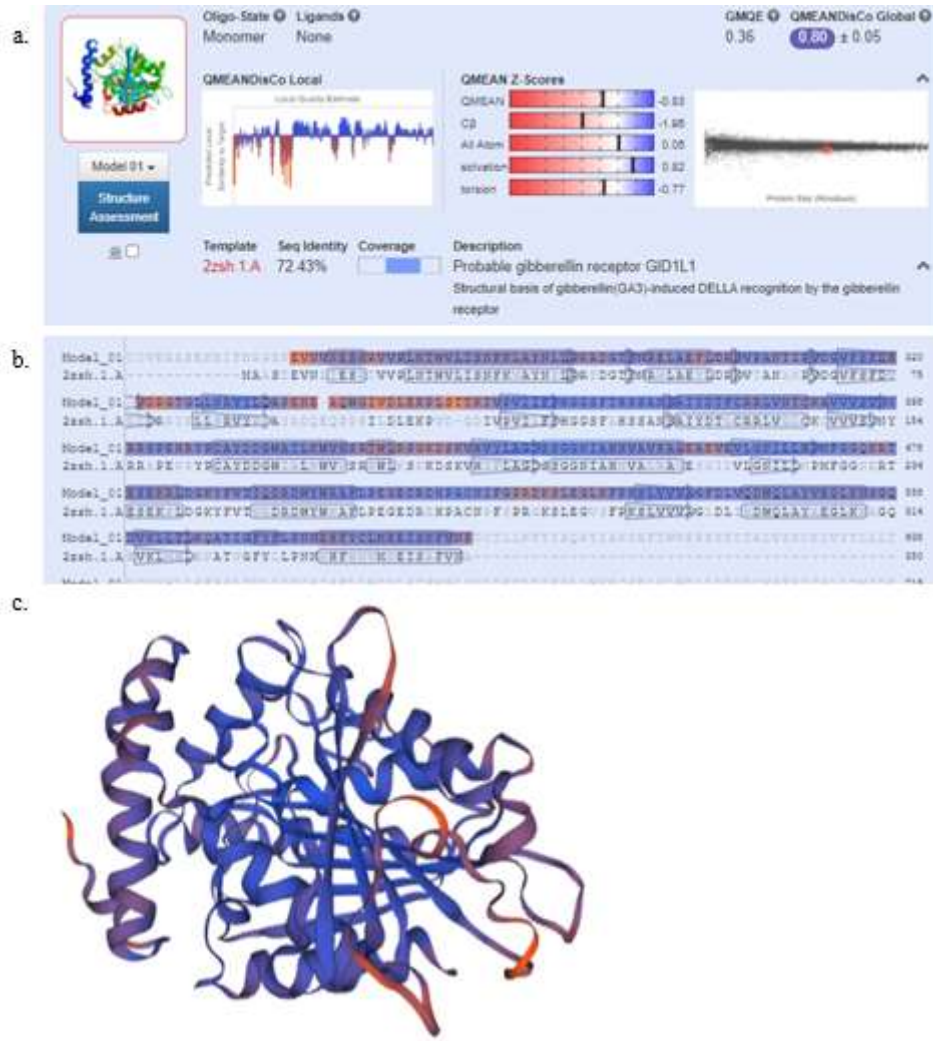
Şekil 37. Kromozom 7 üzerinde haritalanan >MK1318 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.
a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması, c üç boyutlu modelleme.



Şekil 38. Kromozom 8 üzerinde haritalanan >MK116 ve >MK122 markörlerinin SWISS-Modelleme sonuçları. >MK116 için a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması. >MK122 için c.modellemeye ait veriler, d. model-şablon hizalaması.



Şekil 39. e. >MK116 için üç boyutlu modelleme, f. >MK122 için üç boyutlu modelleme.



Şekil 40. Kromozom 8 üzerinde haritalanan >MK67 markörünün SWISS-Modelleme sonuçları.
a. modellemeye ait veriler, b. model-şablon hizalaması, c üç boyutlu modelleme.

